

(19) 世界知的所有権機関  
国際事務局



(43) 国際公開日  
2004 年 12 月 23 日 (23.12.2004)

PCT

(10) 国際公開番号  
WO 2004/111236 A1

(51) 国際特許分類: C12N 15/09, 1/21, 5/10, C07K 14/435,  
19/00, C12Q 1/02, G01N 33/50, 33/533

岡字大原 1063-103 株式会社医学生物学研  
究所 伊那研究所内 Nagano (JP).

(21) 国際出願番号: PCT/JP2004/008790

(74) 代理人: 特許業務法人特許事務所サイクス (SIKS &  
CO.); 〒1040031 東京都中央区京橋一丁目 8 番 7 号  
京橋日殖ビル 8 階 Tokyo (JP).

(22) 国際出願日: 2004 年 6 月 16 日 (16.06.2004)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:  
特願 2003-170330 2003 年 6 月 16 日 (16.06.2003) JP

(81) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の国内保護が  
可能): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR,  
BW, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM,  
DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU,  
ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS,  
LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA,  
NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE,  
SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US,  
UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(71) 出願人 (米国を除く全ての指定国について): 独立行  
政法人理化学研究所 (RIKEN) [JP/JP]; 〒3510198 埼玉  
県和光市広沢 2 番 1 号 Saitama (JP). 株式会社医学生  
物学研究所 (MEDICAL & BIOLOGICAL LABORA-  
TORIES CO., LTD.) [JP/JP]; 〒4600002 愛知県名古屋  
市中区丸の内 3 丁目 5 番 10 号 住友商事丸の内ビ  
ル 5 F Aichi (JP).

(84) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の広域保護が可  
能): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LS, MW, MZ, NA, SD,  
SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア (AM, AZ, BY,  
KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ (AT, BE, BG,  
CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE,  
IT, LU, MC, NL, PL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI (BF,  
BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN,  
TD, TG).

(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人 (米国についてのみ): 宮脇 敦史  
(MIYAWAKI, Atsushi) [JP/JP]; 〒3510198 埼玉県和  
光市広沢 2 番 1 号 独立行政法人理化学研究所内  
Saitama (JP). 筒井 秀和 (TSUTSUI, Hidekazu) [JP/JP];  
〒3510198 埼玉県和光市広沢 2 番 1 号 独立行政法人  
理化学研究所内 Saitama (JP). 唐澤 智司 (KARASAWA,  
Satoshi) [JP/JP]; 〒3960002 長野県伊那市大字手良沢

添付公開書類:  
— 国際調査報告書

2 文字コード及び他の略語については、定期発行される  
各 PCT ガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語  
のガイダンスノート」を参照。

WO 2004/111236 A1

(54) Title: FLUORESCENT PROTEIN

(54) 発明の名称: 蛍光蛋白質

(57) Abstract: A novel fluorescent protein derived from favia fava, which fluorescent protein exhibits the following characteristics:  
(1) excitation maximum wavelength of 507 nm; (2) fluorescence maximum wavelength of 517 nm; (3) molar extinction coefficient  
at 482 nm of 80,000; (4) quantum yield of 0.68; and (5) pH sensitivity of fluorescence maximum being stable at pH=5 to 11.

(57) 要約: 本発明の目的は、スボミキクメイシ (favia fava) に由来する、新規な蛍光蛋白質を提供すること  
である。本発明によれば、スボミキクメイシ (favia fava) 由来の下記の特性を有する蛍光蛋白質が提供される。  
(1) 励起極大波長が 507 nm である; (2) 蛍光極大波長が 517 nm である; (3) 482 nm におけるモ  
ル吸光係数が 80000 である; (4) 量子収率が 0.68 である; (5) 蛍光極大の pH 感受性が pH=5 ~  
11 で安定である;

## 明細書

### 蛍光蛋白質

#### 技術分野

本発明は、新規な蛍光蛋白質に関する。より詳細には、本発明は、スボミキクメイシ (*favia fava*) 由来の新規な蛍光蛋白質及びその利用に関する。

#### 背景技術

クラゲのエクオレア・ビクトリア (*Aequorea victoria*) に由来する緑色蛍光蛋白質 (GFP) は、生物系において多くの用途を有する。最近、ランダム突然変異誘発法および半合理的 (semi-rational) 突然変異誘発法に基づいて、色を変化させたり、折りたたみ特性を改善したり、輝度を高めたり、あるいは pH 感受性を改変したといった様々な GFP 変異体が作製されている。遺伝子組み換え技術により他の蛋白質を GFP 等の蛍光蛋白質に融合させて、それらの発現および輸送のモニタリングを行うことが行われている。

最もよく使用される GFP 変異体の一つとして黄色蛍光蛋白質 (YFP) が挙げられる。YFP は、クラゲ (*Aequorea*) GFP 変異体の中でも最長波長の蛍光を示す。大部分の YFP の  $\epsilon$  および  $\Phi$  は、それぞれ  $60,000 \sim 100,000 \text{ M}^{-1} \text{ cm}^{-1}$  および  $0.6 \sim 0.8$  であり (Tsien, R. Y. (1998). *Ann. Rev. Biochem.* 67, 509-544)、これらの値は、一般的な蛍光団 (フルオレセインおよびローダミンなど) の値に匹敵する。従って YFP の絶対的輝度の改善は、ほぼ限界に達しつつある。

また、GFP 変異体の他の例として、シアン蛍光蛋白質 (CFP) があり、E CFP (enhanced cyan fluorescent protein) が知られている。また、イソギンチャク (*Discoma* sp.) からは赤色蛍光蛋白質 (RFP) も単離されており、DasRed が知られている。このように蛍光蛋白質は、緑色、黄色、シアン色、赤色の 4 種が次々と開発されスペクトルの範囲は大幅に広がっている。

また、刺胞動物には、蛍光を発するものが存在する。刺胞動物由来の蛍光蛋白質

質遺伝子のクローニングが試みられているが、蛍光および生化学的な特性のレパートリーを増やすためには、より多くの遺伝子のクローニングが必要である。

#### 発明の開示

本発明は、スボミキクメイシ (*favia fava*) に由来する、新規な蛍光蛋白質を提供することを解決すべき課題とした。

上記課題を解決するために本発明者らは鋭意検討し、既知の蛍光蛋白質のアミノ酸配列の情報に基づいて好適なプライマーを設計し、スボミキクメイシ (*favia fava*) 由来の cDNA ライブラリーから上記プライマーを用いて新規な蛍光蛋白質をコードする遺伝子を増幅してクローニングすることに成功した。さらに本発明者らは、得られたスボミキクメイシ (*favia fava*) 由来の蛍光蛋白質の蛍光特性及び pH 感受性を解析した。本発明は、これらの知見に基づいて完成したものである。

即ち、本発明によれば、スボミキクメイシ (*favia fava*) 由来の下記の特性を有する蛍光蛋白質が提供される。

- (1) 励起極大波長が 507 nm である；
- (2) 蛍光極大波長が 517 nm である；
- (3) 482 nm におけるモル吸光係数が 80000 である；
- (4) 量子収率が 0.68 である；
- (5) 蛍光極大の pH 感受性が pH=5~11 で安定である；

本発明の別の側面によれば、以下の何れかのアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質が提供される。

- (a) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列；又は、
- (b) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列において 1 から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光を有するアミノ酸配列；

本発明のさらに別の側面によれば、以下の何れかのアミノ酸配列において 62 番目にアミノ酸残基であるアスパラギン酸をヒスチジンに置換したアミノ酸配列

を有する蛍光蛋白質が提供される。

(a) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列；又は、

(b) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列において 1 から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光を有するアミノ酸配列：

本発明のさらに別の側面によれば、以下の何れかのアミノ酸配列において 40 番目のアミノ酸残基であるメチオニンをバリンに、62 番目のアミノ酸残基であるアスパラギン酸をヒスチジンに、198 番目のアミノ酸残基であるイソロイシンをメチオニンに置換したアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質が提供される。

(a) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列；又は、

(b) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列において 1 から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光を有するアミノ酸配列：

本発明のさらに別の側面によれば、以下の何れかのアミノ酸配列において 10 番目のアミノ酸残基であるメチオニンをイソロイシンに、12 番目のアミノ酸残基であるロイシンをバリンに、40 番目のアミノ酸残基であるメチオニンをバリンに、60 番目のアミノ酸残基であるバリンをアラニンに、62 番目のアミノ酸残基であるアスパラギン酸をヒスチジンに、119 番目のアミノ酸残基であるチロシンをアスパラギンに、144 番目のアミノ酸残基であるプロリンをセリンに、197 番目のアミノ酸残基であるアルギニンをロイシンに、198 番目のアミノ酸残基であるイソロイシンをメチオニンに置換したアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質が提供される。

(a) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列；又は、

(b) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列において 1 から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光を有するアミノ酸配列：

本発明のさらに別の側面によれば、以下の何れかのアミノ酸配列において 10 番目のアミノ酸残基であるメチオニンをイソロイシンに、40 番目のアミノ酸残基であるメチオニンをバリンに、60 番目のアミノ酸残基であるバリンをアラニンに、62 番目のアミノ酸残基であるアスパラギン酸をヒスチジンに、70 番目

のアミノ酸残基であるリジンをグルタミン酸に、119番目のアミノ酸残基であるチロシンをアスパラギンに、197番目のアミノ酸残基であるアルギニンをグルタミンに、198番目のアミノ酸残基であるイソロイシンをメチオニンに置換したアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質が提供される。

(a) 配列番号1に記載のアミノ酸配列；又は、

(b) 配列番号1に記載のアミノ酸配列において1から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光を有するアミノ酸配列：

本発明のさらに別の側面によれば、以下の何れかのアミノ酸配列において60番目のアミノ酸残基であるバリンをアラニンに、62番目のアミノ酸残基であるアスパラギン酸をグリシンに、63番目のアミノ酸残基であるチロシンをヒスチジンに、196番目のアミノ酸残基であるヒスチジンをロイシンに、198番目のアミノ酸残基であるイソロイシンをトレオニンに置換したアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質が提供される。

(a) 配列番号1に記載のアミノ酸配列；又は、

(b) 配列番号1に記載のアミノ酸配列において1から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光を有するアミノ酸配列：

本発明のさらに別の側面によれば、上記した本発明の蛋白質をコードするDNAが提供される。

本発明のさらに別の側面によれば、以下の何れかのDNAが提供される。

(a) 配列番号1に記載のアミノ酸配列をコードするDNA；又は、

(b) 配列番号1に記載のアミノ酸配列において1から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光蛋白質をコードするDNA：

本発明のさらに別の側面によれば、以下の何れかの塩基配列を有するDNAが提供される。

(a) 配列番号2に記載の塩基配列；又は、

(b) 配列番号2に記載の塩基配列において1から数個の塩基の欠失、置換及び

／又は付加を有する塩基配列を有し、蛍光蛋白質をコードする塩基配列：

本発明のさらに別の側面によれば、以下の何れかの塩基配列を有するDNA。

(a) 配列番号13、15、17、19又は21に記載の塩基配列；又は、

(b) 配列番号13、15、17、19又は21に記載の塩基配列において1から数個の塩基の欠失、置換及び／又は付加を有する塩基配列を有し、蛍光蛋白質をコードする塩基配列：

本発明のさらに別の側面によれば、本発明のDNAを有する組み換えベクターが提供される。

本発明のさらに別の側面によれば、本発明のDNA又は組み換えベクターを有する形質転換体が提供される。

本発明のさらに別の側面によれば、本発明の蛍光蛋白質と他の蛋白質とから成る融合蛍光蛋白質が提供される。

好ましくは、他の蛋白質は細胞内に局在する蛋白質であり、さらに好ましくは、細胞内小器官に特異的な蛋白質である。

本発明のさらに別の側面によれば、本発明の融合蛍光蛋白質を細胞内で発現させることを特徴とする、細胞内における蛋白質の局在または動態を分析する方法が提供される。

本発明のさらに別の側面によれば、本発明の蛍光蛋白質、DNA、組み換えベクター、形質転換体、又は融合蛍光蛋白質を含む、蛍光試薬キットが提供される。

本発明のさらに別の側面によれば、Green から Red へと蛍光特性を光照射依存的に変換できない蛍光蛋白質において、配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の62番目に相当するアミノ酸をヒスチジンに置換することを含む、蛍光特性をGreen からRed へと光照射依存的に変換できる蛍光蛋白質を製造する方法が提供される。

本発明のさらに別の側面によれば、Green からRed へと蛍光特性を光照射依存的に変換できない蛍光蛋白質において、下記の置換のうちの少なくとも1以上のアミノ酸置換を行うことを含む、蛍光特性をGreen からRed へと光照射依存的に

変換できる蛍光蛋白質を製造する方法が提供される。

(1) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 62 番目に相当するアミノ酸についてヒスチジンへの置換；

(2) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 10 番目に相当するアミノ酸についてイソロイシンへの置換；

(3) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 12 番目に相当するアミノ酸についてバリンへの置換；

(4) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 40 番目に相当するアミノ酸についてバリンへの置換；

(5) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 60 番目に相当するアミノ酸についてアラニンへの置換；

(6) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 70 番目に相当するアミノ酸についてグルタミン酸への置換；

(7) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 119 番目に相当するアミノ酸についてアスパラギンへの置換；

(8) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 144 番目に相当するアミノ酸についてセリンへの置換；

(9) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 197 番目に相当するアミノ酸についてロイシンまたはグルタミンへの置換；又は

(10) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 198 番目に相当するアミノ酸についてメチオニンへの置換；

本発明のさらに別の側面によれば、蛍光蛋白質において、下記の置換のうちの少なくとも 1 以上のアミノ酸置換を行うことを含む、Green から Red に蛍光特性を変換する速度が上がり、且つ、蛍光強度が増大した蛍光蛋白質を製造する方法が提供される。

(1) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 62 番目に相当するアミノ酸についてヒスチジンへの置換；

(2) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の54番目に相当するアミノ酸についてフェニルアラニンへの置換；

(3) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の69番目に相当するアミノ酸についてバリンへの置換；

(4) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の87番目に相当するアミノ酸についてチロシンへの置換；

(5) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の93番目に相当するアミノ酸についてメチオニンへの置換；

(6) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の109番目に相当するアミノ酸についてメチオニンへの置換；

(7) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の121番目に相当するアミノ酸についてイソロイシンへの置換；

(8) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の140番目に相当するアミノ酸についてバリンへの置換；又は

(9) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の160番目に相当するアミノ酸についてバリンへの置換；

本発明のさらに別の側面によれば、Purple から Blue へと蛍光特性を光照射依存的に変換できない蛍光蛋白質において、下記の置換のうちの少なくとも1以上のアミノ酸置換を行うことを含む、蛍光特性を Purple から Blue へと光照射依存的に変換できる蛍光蛋白質を製造する方法が提供される。

(1) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の60番目に相当するアミノ酸についてアラニンへの置換；

(2) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の62番目に相当するアミノ酸についてグリシンへの置換；

(3) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の63番目に相当するアミノ酸についてヒスチジンへの置換；

(4) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の196番

目に相当するアミノ酸についてロイシンへの置換；又は

(5) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 198 番目に相当するアミノ酸についてトレオニンへの置換；

#### 図面の簡単な説明

図 1 は、本発明のスボミキクメイシ (*favia fava*) 由来の蛍光蛋白質 (KkG) の蛍光スペクトル及び励起スペクトルを測定した結果を示す。

図 2 は、本発明のスボミキクメイシ (*favia fava*) 由来の蛍光蛋白質 (KkG) の pH 依存性を示す。

図 3 は、アミノ酸配列の比較 (\*\*\*) は発色団形成アミノ酸を示す) を示す。

図 4 は、光照射 (365nm) によるスペクトル特性の変化を示す。

A1: KkG 吸収スペクトル

A2: 光照射後の KkG 吸収スペクトル

A3: KikGR 光照射による吸収スペクトルの推移

A4: KikGR 光照射による励起、蛍光スペクトルの変化

図 5 は、大腸菌・HeLa 細胞での蛍光強度の比較を示す。

A 左: 365nm 照射前    A 右: 365nm 照射後

B: HeLa 細胞での発現

上から順に 7 時間後、12 時間後、18 時間後

475AF20/530DF35 exp 1sec Dichroic mirror 430DCLP

Xenon 75W    ND 10%T    X10 UplanFI NA0.3

図 6 は、緑から赤への変換と明るさの比較を示す。

A: KikGR 蛍光値の推移    B: KikGR 発現細胞の画像

C: Kaede 蛍光値の推移    D: Kaede 発現細胞の画像

Green 475AF20/530DF35 exp 50ms

Red 550DF30/575ALP exp 100ms

Violet 400DF10 exp 100ms

Dicroic mirror : 430DCLP

Xenon75W ND10%T

Bin4 CoolsNAP HQ

X40 UApo340/NA1.35

図7は、KBL2の紫外線(270nm)照射による蛍光スペクトル特性の変化を示す。

(Gratingの2次光をふくむ)

380nmの蛍光が紫外線照射により減少し、450nmの蛍光が増加する。

図8は、KBL2の変換後の励起・蛍光スペクトルを示す(Gratingの2次光を含む)。

図9は、365nm照射による吸収スペクトルの変化を示す。照射前(細線)、照射後(太線)

発明を実施するための最良の形態

以下、本発明の実施の形態について詳細に説明する。

#### (1) 本発明の蛍光蛋白質

本発明の蛍光蛋白質は、スボミキクメイシ (*favia fava*) 由来のものであり、下記の特性を有することを特徴とする。

- (1) 励起極大波長が507nmである；
- (2) 蛍光極大波長が517nmである；
- (3) 482nmにおけるモル吸光係数が80000である；
- (4) 量子収率が0.68である；
- (5) 蛍光極大のpH感受性がpH=5~11で安定である；

スボミキクメイシ (*favia fava*) は、刺胞動物門花虫綱六放サンゴ亜綱キクメイシ科に属するサンゴの1種である。

本発明の蛍光蛋白質は、以下の実施例で示す通り、励起極大波長が507nmであり、蛍光極大波長が517nmである。また、482nmにおけるモル吸光係数は80000であり、量子収率は0.68である。モル吸光係数は蛍光分子1モルあたりの光子の吸収量を表し、量子収率は吸収した光子のどれだけを蛍光

として発することができるかを表した数値である。

本発明の蛍光蛋白質の具体例としては、以下の何れかのアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質が挙げられる。

(a) 配列番号1に記載のアミノ酸配列；又は、

(b) 配列番号1に記載のアミノ酸配列において1から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、かつ蛍光を有するアミノ酸配列；

本明細書で言う「1から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列」における「1から数個」の範囲は特には限定されないが、例えば、1から20個、好ましくは1から10個、より好ましくは1から7個、さらに好ましくは1から5個、特に好ましくは1から3個程度を意味する。

本明細書で言う「蛍光を有する」および「蛍光蛋白質」とは、蛍光を発することができる全ての場合を包含し、蛍光強度、励起波長、蛍光波長、pH感受性などの諸特性は、配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛋白質と比較して、変動していてもよいし、同様のままでもよい。

本発明の蛍光蛋白質の取得方法については特に制限はなく、化学合成により合成した蛋白質でもよいし、遺伝子組み換え技術による作製した組み換え蛋白質でもよい。

組み換え蛋白質を作製する場合には、先ず当該蛋白質をコードするDNAを入手することが必要である。本明細書の配列表の配列番号1に記載したアミノ酸配列並びに配列番号2に記載した塩基配列の情報を利用することにより適当なプライマーを設計し、それらを用いてスボミクメイシ (*favia fava*) 由来のcDNAライブラリーを鋳型にしてPCRを行うことにより、本発明の蛍光蛋白質をコードするDNAを取得することができる。本発明の蛍光蛋白質をコードするDNAの一部の断片を上記したPCRにより得た場合には、作製したDNA断片を順番に遺伝子組み換え技術により連結することにより、所望の蛍光蛋白質をコードするDNAを得ることができる。このDNAを適当な発現系に導入することによ

り、本発明の蛍光蛋白質を産生することができる。発現系での発現については本明細書中後記する。

## (2) 本発明のDNA

本発明によれば、本発明の蛍光蛋白質をコードする遺伝子が提供される。

本発明の蛍光蛋白質をコードするDNAの具体例としては、以下の何れかのDNAが挙げられる。

- (a) 配列番号1に記載のアミノ酸配列をコードするDNA；又は、
- (b) 配列番号1に記載のアミノ酸配列において1から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列をコードし、かつ蛍光蛋白質をコードするDNA。

本発明の蛍光蛋白質をコードするDNAのさらなる具体例としては、以下の何れかのDNAが挙げられる。

- (a) 配列番号2に記載の塩基配列を有するDNA；又は、
- (b) 配列番号2に記載の塩基配列において1から数個の塩基の欠失、置換及び／又は付加を有する塩基配列を有し、かつ蛍光蛋白質をコードするDNA；

本発明のDNAは、例えばホスホアミダイト法などにより合成することができるし、特異的プライマーを用いたポリメラーゼ連鎖反応（PCR）によって製造することもできる。本発明のDNA又はその断片の作製方法については、本明細書中上述した通りである。

また、所定の核酸配列に所望の変異を導入する方法は当業者に公知である。例えば、部位特異的変異誘発法、縮重オリゴヌクレオチドを用いるPCR、核酸を含む細胞の変異誘発剤又は放射線への露出等の公知の技術を適宜使用することによって、変異を有するDNAを構築することができる。このような公知の技術は、例えば、Molecular Cloning: A laboratory Manual, 2<sup>nd</sup> Ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY., 1989、並びに Current Protocols in Molecular Biology, Supplement 1~38, John Wiley & Sons (1987-1997)に記載されている。

### (3) 本発明の組み換えベクター

本発明のDNAは適当なベクター中に挿入して使用することができる。本発明で用いるベクターの種類は特に限定されず、例えば、自立的に複製するベクター（例えばプラスミド等）でもよいし、あるいは、宿主細胞に導入された際に宿主細胞のゲノムに組み込まれ、組み込まれた染色体と共に複製されるものであってもよい。

好ましくは、本発明で用いるベクターは発現ベクターである。発現ベクターにおいて本発明のDNAは、転写に必要な要素（例えば、プロモーター等）が機能的に連結されている。プロモータは宿主細胞において転写活性を示すDNA配列であり、宿主の種類に応じて適宜することができる。

細菌細胞で作動可能なプロモータとしては、バチルス・ステアロテルモフィルス・マルトジェニック・アミラーゼ遺伝子 (*Bacillus stearothermophilus maltogenic amylase gene*)、バチルス・リケニホルミス  $\alpha$  アミラーゼ遺伝子 (*Bacillus licheniformis alpha-amylase gene*)、バチルス・アミロリケファチエンス・BAN アミラーゼ遺伝子 (*Bacillus amyloliquefaciens BAN amylase gene*)、バチルス・サブチリス・アルカリプロテアーゼ遺伝子 (*Bacillus Subtilis alkaline protease gene*) もしくはバチルス・プミルス・キシロシダーゼ遺伝子 (*Bacillus pumilus xylosidase gene*) のプロモータ、またはファージ・ラムダの  $P_R$  若しくは  $P_L$  プロモータ、大腸菌の *lac*、*trp* 若しくは *tac* プロモータなどが挙げられる。

哺乳動物細胞で作動可能なプロモータの例としては、SV40プロモータ、MT-1（メタロチオネイン遺伝子）プロモータ、またはアデノウイルス2主後期プロモータなどがある。昆虫細胞で作動可能なプロモータの例としては、ポリヘドリンプロモータ、P10プロモータ、オートグラフィア・カリホルニカ・ポリヘドロシス塩基性タンパクプロモータ、バキュウロウイルス即時型初期遺伝子1プロモータ、またはバキュウロウイルス39K遅延型初期遺伝子プロモータ等がある。酵母宿主細胞で作動可能なプロモータの例としては、酵母解糖系遺伝子由来

のプロモータ、アルコールデヒドロゲナーゼ遺伝子プロモータ、T P I 1 プロモータ、ADH2-4c プロモータなどが挙げられる。

糸状菌細胞で作動可能なプロモータの例としては、ADH3 プロモータまたは t p i A プロモータなどがある。

また、本発明のDNAは必要に応じて、例えばヒト成長ホルモントーミネータまたは真菌宿主についてはT P I 1 トーミネータ若しくはADH3 トーミネータのような適切なターミネータに機能的に結合されてもよい。本発明の組み換えベクターは更に、ポリアデニレーションシグナル(例えばSV40またはアデノウイルス5 E 1 b 領域由来のもの)、転写エンハンサ配列(例えばSV40エンハンサ)および翻訳エンハンサ配列(例えばアデノウイルス V A RNA をコードするもの)のような要素を有していてもよい。

本発明の組み換えベクターは更に、該ベクターが宿主細胞内で複製することを可能にするDNA配列を具備してもよく、その一例としてはSV40複製起点(宿主細胞が哺乳類細胞のとき)が挙げられる。

本発明の組み換えベクターはさらに選択マーカーを含有してもよい。選択マーカーとしては、例えば、ジヒドロ葉酸レダクターゼ(DHFR)またはシゾサッカロマイセス・ポンベT P I 遺伝子等のようなその補体が宿主細胞に欠けている遺伝子、または例えばアンピシリン、カナマイシン、テトラサイクリン、クロラムフェニコール、ネオマイシン若しくはヒグロマイシンのような薬剤耐性遺伝子を挙げることができる。

本発明のDNA、プロモータ、および所望によりターミネータおよび/または分泌シグナル配列をそれぞれ連結し、これらを適切なベクターに挿入する方法は当業者に周知である。

#### (4) 本発明の形質転換体

本発明のDNA又は組み換えベクターを適当な宿主に導入することによって形質転換体を作製することができる。

本発明のDNAまたは組み換えベクターを導入される宿主細胞は、本発明のD

NA構築物を発現できれば任意の細胞でよく、細菌、酵母、真菌および高等真核細胞等が挙げられる。

細菌細胞の例としては、バチルスまたはストレプトマイセス等のグラム陽性菌又は大腸菌等のグラム陰性菌が挙げられる。これら細菌の形質転換は、プロトプラスト法、または公知の方法でコンピテント細胞を用いることにより行なえばよい。

哺乳類細胞の例としては、HEK293細胞、HeLa細胞、COS細胞、BHK細胞、CHL細胞またはCHO細胞等が挙げられる。哺乳類細胞を形質転換し、該細胞に導入されたDNA配列を発現させる方法も公知であり、例えば、エレクトロポレーション法、リン酸カルシウム法、リポフェクション法等を用いることができる。

酵母細胞の例としては、サッカロマイセスまたはシゾサッカロマイセスに属する細胞が挙げられ、例えば、サッカロマイセス・セレビシエ (*Saccharomyces cerevisiae*) またはサッカロマイセス・クルイベリ (*Saccharomyces kluyveri*) 等が挙げられる。酵母宿主への組み換えベクターの導入方法としては、例えば、エレクトロポレーション法、スフェロプラスト法、酢酸リチウム法等を挙げることができる。

他の真菌細胞の例は、糸状菌、例えばアスペルギルス、ニューロスボラ、フザリウム、またはトリコデルマに属する細胞である。宿主細胞として糸状菌を用いる場合、DNA構築物を宿主染色体に組み込んで組換え宿主細胞を得ることにより形質転換を行うことができる。DNA構築物の宿主染色体への組み込みは、公知の方法に従い、例えば相同組換えまたは異種組換えにより行うことができる。

昆虫細胞を宿主として用いる場合には、組換え遺伝子導入ベクターおよびバキュロウイルスを昆虫細胞に共導入して昆虫細胞培養上清中に組換えウイルスを得た後、さらに組換えウイルスを昆虫細胞に感染させ、蛋白質を発現させることができる (例えば、Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual ; 及びカレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、Bio/Technology,

6, 47 (1988)等に記載)。

バキュロウイルスとしては、例えば、ヨトウガ科昆虫に感染するウイルスであるアウトグラフア・カリフォルニカ・ヌクレアー・ポリヘドロシス・ウイルス (Autographa californica nuclear polyhedrosis virus)等を用いることができる。

昆虫細胞としては、*Spodoptera frugiperda* の卵巣細胞である Sf 9、Sf 21 [バキュロウイルス・エクスプレッション・ベクターズ、ア・ラボラトリー・マニュアル、ダブリュー・エイチ・フリーマン・アンド・カンパニー (W. H. Freeman and Company)、ニューヨーク (New York)、(1992)]、*Trichoplusia ni* の卵巣細胞である Hi Five (インビトロジェン社製)等を用いることができる。

組換えウイルスを調製するための、昆虫細胞への組換え遺伝子導入ベクターと上記バキュロウイルスの共導入方法としては、例えば、リン酸カルシウム法又はリポフェクション法等を挙げることができる。

上記の形質転換体は、導入されたDNA構築物の発現を可能にする条件下で適切な栄養培地中で培養する。形質転換体の培養物から、本発明の蛍光融合蛋白質を単離精製するには、通常の蛋白質の単離、精製法を用いればよい。

例えば、本発明の蛋白質が、細胞内に溶解状態で発現した場合には、培養終了後、細胞を遠心分離により回収し水系緩衝液に懸濁後、超音波破碎機等により細胞を破碎し、無細胞抽出液を得る。該無細胞抽出液を遠心分離することにより得られた上清から、通常の蛋白質の単離精製法、即ち、溶媒抽出法、硫酸等による塩析法、脱塩法、有機溶媒による沈殿法、ジエチルアミノエチル (DEAE) セファロース等のレジンをを用いた陰イオン交換クロマトグラフィー法、S-Sepharose FF (ファルマシア社製)等のレジンをを用いた陽イオン交換クロマトグラフィー法、ブチルセファロース、フェニルセファロース等のレジンをを用いた疎水性クロマトグラフィー法、分子篩を用いたゲルろ過法、アフィニティークロマトグラフィー法、クロマトフォーカシング法、等電点電気泳動等の電気泳動法等の手法を単独あるいは組み合わせて用い、精製標品を得ることができる。

### (5) 本発明の蛍光蛋白質及びそれを含む融合蛍光蛋白質の利用

本発明は蛍光蛋白質を他の蛋白質と融合させることにより、融合蛍光蛋白質を構築することができる。

本発明の融合蛍光蛋白質の取得方法については特に制限はなく、化学合成により合成した蛋白質でもよいし、遺伝子組み換え技術による作製した組み換え蛋白質でもよい。

組み換え蛋白質を作製する場合には、先ず当該蛋白質をコードするDNAを入手することが必要である。本明細書の配列表の配列番号1に記載したアミノ酸配列及び配列番号2に記載した塩基配列の情報を利用することにより適当なプライマーを設計し、本発明の蛍光蛋白質の遺伝子を含むDNA断片を鋳型にしてPCRを行うことにより、本発明の蛍光蛋白質をコードするDNAを構築するのに必要なDNA断片を作製することができる。また同様に、融合すべき蛋白質をコードするDNA断片も入手する。

次いで、これらのDNA断片を順番に遺伝子組み換え技術により連結することにより、所望の融合蛍光蛋白質をコードするDNAを得ることができる。このDNAを適当な発現系に導入することにより、本発明の融合蛍光蛋白質を産生することができる。

本発明の蛍光蛋白質は、特に、標識としての利用価値が高い。即ち、本発明の蛍光蛋白質を被検アミノ酸配列との融合蛋白質として精製し、マイクロインジェクション法などの手法により細胞内に導入し、該融合蛋白質の分布を経時的に観察すれば、被検アミノ酸配列の細胞内におけるターゲッティング活性を検出することが可能である。

本発明の蛍光蛋白質を融合させる他の蛋白質（被検アミノ酸配列）の種類は特に限定されるものではないが、例えば、細胞内に局在する蛋白質、細胞内小器官に特異的な蛋白質、ターゲティングシグナル（例えば、核移行シグナル、ミトコンドリアプレ配列）等が好適である。なお、本発明の蛍光蛋白質は、マイクロインジェクション法などにより細胞内に導入する以外に、細胞内で発現させて用い

ることも可能である。この場合には、本発明の蛍光蛋白質をコードするDNAが発現可能に挿入されたベクターが宿主細胞に導入される。

また、本発明の蛍光蛋白質は、レポーター蛋白質としてプロモーター活性の測定に用いることも可能である。即ち、被検プロモーターの下流に、本発明の蛍光蛋白質をコードするDNAが配置されたベクターを構築し、これを宿主細胞に導入し、該細胞から発せられる本発明の蛍光蛋白質の蛍光を検出することにより、被検プロモーターの活性を測定することが可能である。被検プロモーターとしては、宿主細胞内で機能するものであれば、特に制限はない。

上記被検アミノ酸配列のターゲティング活性の検出やプロモーター活性の測定において用いられるベクターとしては、特に制限はないが、例えば、動物細胞用ベクターでは、「pNEO」(P. Southern, and P. Berg (1982) J. Mol. Appl. Genet. 1:327)、 「pCAGGS」(H. Niwa, K. Yamamura, and J. Miyazaki. Gene 108, 193-200(1991))、「pRc/CMV」(インビトロゲン社製)、「pCDM8」(インビトロゲン社製)などが、酵母用ベクターでは、「pRS303」、「pRS304」、「pRS305」、「pRS306」、「pRS313」、「pRS314」、「pRS315」、「pRS316」(R. S. Sikorski and P. Hieter (1989) Genetics 122: 19-27)、「pRS423」、「pRS424」、「pRS425」、「pRS426」(T. W. Christianson, R. S. Sikorski, M. Dante, J. H. Shero, and P. Hieter (1992) Gene 110: 119-122)などが好適に用いられる。

また、使用可能な細胞の種類も特に限定されず、各種の動物細胞、例えば、L細胞、BalbC-3T3細胞、NIH3T3細胞、CHO(Chinese hamster ovary)細胞、HeLa細胞、NRK(normal rat kidney)細胞、「Saccharomyces cerevisiae」などの酵母細胞や大腸菌(E. coli)細胞などを使用することができる。ベクターの宿主細胞への導入は、例えば、リン酸カルシウム法やエレクトロポレーション法などの常法により行うことができる。

上記のようにして得た、本発明の蛍光蛋白質と他の蛋白質(蛋白質Xとする)とを融合させた融合蛍光蛋白質を細胞内で発現させ、発する蛍光をモニターすることにより、細胞内における蛋白質Xの局在や動態を分析することが可能になる。

即ち、本発明の融合蛍光蛋白質をコードするDNAで形質転換またはトランスフェクトした細胞を蛍光顕微鏡で観察することにより細胞内における蛋白質Xの局在や動態を可視化して分析することができる。

例えば、蛋白質Xとして細胞内オルガネラに特異的な蛋白質を利用することにより、核、ミトコンドリア、小胞体、ゴルジ体、分泌小胞、ペルオキシソームなどの分布や動きを観察できる。

また、例えば、神経細胞の軸索、樹状突起などは発生途中の個体の中で著しく複雑な走向の変化を示すので、こういった部位を蛍光ラベルすることにより動的解析が可能になる。

本発明の蛍光蛋白質の蛍光は、生細胞のまま検出することが可能である。この検出は、例えば、蛍光顕微鏡（カルツァイス社 アキシオフォト フィルターセット 09）や画像解析装置（ATTO デジタルイメージアナライザー）などを用いて行うことが可能である。

顕微鏡の種類は目的に応じて適宜選択できる。経時変化を追跡するなど頻回の観察を必要とする場合には、通常の落射型蛍光顕微鏡が好ましい。細胞内の詳細な局在を追及したい場合など、解像度を重視する場合は、共焦点レーザー顕微鏡の方が好ましい。顕微鏡システムとしては、細胞の生理状態を保ち、コンタミネーションを防止する観点から、倒立型顕微鏡が好ましい。正立顕微鏡を使用する場合、高倍率レンズを用いる際には水浸レンズを用いることができる。

フィルターセットは蛍光蛋白質の蛍光波長に応じて適切なものを選択できる。本発明の蛍光蛋白質の場合、励起光490～510nm、蛍光510～530nm程度のフィルターを使用することが好ましい。

また、蛍光顕微鏡を用いた生細胞での経時観察を行う場合には、短時間で撮影を行うべきなので、高感度冷却CCDカメラを使用する。冷却CCDカメラは、CCDを冷却することにより熱雑音を下げ、微弱な蛍光像を短時間露光で鮮明に撮影することができる。

### (6) 本発明のキット

本発明によれば、本明細書に記載した蛍光蛋白質、融合蛍光蛋白質、DNA、組み換えベクター又は形質転換体から選択される少なくとも1種以上を含むことを特徴とする、細胞内成分の局在の分析及び／又は生理活性物質の分析のためのキットが提供される。本発明のキットは、それ自体既知の通常用いられる材料及び手法で調製することができる。

蛍光蛋白質又はDNAなどの試薬は、適当な溶媒に溶解することにより保存に適した形態に調製することができる。溶媒としては、水、エタノール、各種緩衝液などを用いることができる。

以下の実施例により本発明を具体的に説明するが、本発明は実施例によって限定されるものではない。

#### 実施例

##### 実施例1：珊瑚（キクメイシ）からの新規蛍光蛋白遺伝子の単離

###### (1) total RNA の抽出

蛍光を放つ珊瑚より蛍光蛋白遺伝子の単離を行った。材料にはスボミキクメイシ (*favia fava*) を用いた。キクメイシをハンマーで砕き、湿重量 11 グラムに” TRIZol” (GIBCO BRL) を 15 ml 加えて攪拌し、1500×g で 10 分間遠心した。上清にクロロホルム 3 ml をくわえ、15 秒間攪拌した後 3 分間静置した。7500×g で 15 分間遠心した。上清にイソプロパノール 3.75 ml をくわえ、15 秒間攪拌した後 10 分間静置した。17000×g で 10 分間遠心した。上清を捨て 70%エタノールを 6 ml 加えて 17000×g で 10 分間遠心した。上清を捨て沈殿を DEPC 水 200  $\mu$ l で溶解した。DEPC 水で溶解した total RNA を 100 倍に希釈して O.D. 260 と O.D. 280 の値を測定して RNA 濃度を測った。20  $\mu$ g の total RNA を得た。

###### (2) First strand cDNA の合成

total RNA 3  $\mu$ g を使用し、First strand cDNA の合成キット” Ready To Go” (Amersham Pharmacia)により cDNA(33  $\mu$ l)を合成した。

## (3) Degenerated PCR

合成した First strand cDNA(33 $\mu$ l)のうち3 $\mu$ lを鋳型としてPCRを行った。  
プライマーのデザインは既知の蛍光蛋白のアミノ酸配列を見比べて、似ている部  
分を抜き出し、塩基配列に変換し直し作製した。

## 使用プライマー

5' - GGI WSB GTI AAY GGV CAY DAN TT -3' (Primer 1) (配列番号3)

5' - AACTGGAAGAATTTCGCGGCCGCAGGAA -3' (Primer 2) (配列番号4)

R=A 又は G、Y=C 又は T、V=A, C 又は G、D=A, G 又は T

## PCR 反応液組成

テンプレート (first strand cDNA)	3 $\mu$ l
X10 taq バッファー	5 $\mu$ l
2.5 mM dNTPs	4 $\mu$ l
100 $\mu$ M primer1	1 $\mu$ l
100 $\mu$ M primer2	1 $\mu$ l
ミリ Q	35 $\mu$ l
taq polymerase(5U/ $\mu$ l)	1 $\mu$ l

## PCR 反応条件

94°C 1 min (PAD)

94°C 30 sec (変性)

52°C 30 sec (鋳型へのプライマーのアニーリング)

72°C 1 min (プライマー伸長)

72°C 7 min (最後の伸長)

4°C 保持

一回目のPCR反応で得られた増幅産物1 $\mu$ lをテンプレートとして、もう一度同  
じ温度条件でPCRを行った。ただし、使用プライマーは、

5' - TGC CWT TTG CIT TIG AYA TIT TG -3' (Primer 3) (配列番号5)

5' - GTC ITC TTY TGC ACI ACI GGI CCA TYD GVA GGA AA -3' (Primer 4) (配

列番号 6)

アガロースゲル電気泳動で、予想された大きさの 350 bp のバンドを切り出し、精製した。

(4) サブクローニング及び塩基配列の決定

精製した DNA 断片を pT7-blue vector (Novagen) にライゲーションした。大腸菌株 (TG1) にトランスフォーメーションしてブルーホワイトセクションを行い、白いコロニーの大腸菌より plasmid DNA を精製して、挿入された DNA 断片の塩基配列を DNA シークエンサーにより決定した。得られた塩基配列を他の蛍光蛋白遺伝子の塩基配列と比較してその DNA 塩基配列が蛍光蛋白由来のものであるかを判断した。蛍光蛋白遺伝子の一部であると判断したものに関して、5' -RACE 法および 3' -RACE 法による遺伝子全長のクローニングを行った。

(5) 5' -RACE 法

Degenerated PCR で得られた DNA 断片の 5' 側の塩基配列を決定するために 5' -RACE System for Rapid Amplification of cDNA Ends, Version 2.0 (GIBCO BRL) を用いて、5' -RACE 法を行った。鋳型として 1) で調整した total RNA を 3  $\mu$ g 使用した。

DC-tailed cDNA の一回目の増幅には

5' -GGCCACGCGTCGACTAGTACGGGIIGGGIIGGGIIG-3' (Primer 5) (配列番号 7)

5' - TTG TCA AGA TAT CGA AAG CGA ACG GCA GAG -3' (Primer 6) (配列番号 8)

のプライマーを用いた。

I=イノシン

二回目の増幅には

5' -GGCCACGCGTCGACTAGTAC-3' (配列番号 9)

5' -GTC CAC CCT CTA CGA CTT TGA GTT CCA TAT -3' (配列番号 10)

のプライマーを用いた。PCR 反応条件等はキットのプロトコールに準じた。

アガロースゲル電気泳動で、増幅された 700 bp のバンドを切り出し、精製した。精製した DNA 断片を pT7-blue vector (Novagen) にライゲーションした。大腸菌株

(TG1) にトランスフォーメーションしてブルーホワイトセクションを行い、白いコロニーの大腸菌より plasmid DNA を精製して、挿入された DNA 断片の塩基配列を DNA シークエンサーにより決定した。

#### (6) 全塩基配列の決定、及び大腸菌での蛋白発現

(5) により得られた蛋白の N 末端に相当する部分でプライマーを作製し、C 末端側はオリゴ dT プライマーを使用して、(2) で調製した First strand cDNA を鋳型として PCR を行った。

#### 使用プライマー

5' - CCC GGA TCC GAT GAG TGT GAT TAC AWC AGA AAT GAA GAT GGA GC -3'

(Primer7) (配列番号 11)

#### PCR 反応液組成

テンプレート (first strand cDNA)	3 $\mu$ l
X10 pyrobest バッファー	5 $\mu$ l
2.5 mM dNTPs	4 $\mu$ l
100 $\mu$ M primer7	1 $\mu$ l
100 $\mu$ M オリゴ dT プライマー	1 $\mu$ l
ミリ Q	35 $\mu$ l
pyrobest polymerase(5U/ $\mu$ l)	1 $\mu$ l

#### PCR 反応条件

94°C 1 min(PAD)

94°C 30 sec (変性)

52°C 30 sec (鋳型へのプライマーのアニーリング)

72°C 1 min (プライマー伸長)

上記 3 ステップを 30 サイクル行った。

72°C 7 min (最後の伸長)

4°C 保持

アガロースゲルの電気泳動で、増幅された約 900 bp のバンドを切り出し、精製

して pRSET vector (Invitrogen) の *Bam*HI、*Eco*R I 部位にサブクローニングして、大腸菌株 (JM109-DE3) で発現させた。またプラスミドを回収し、挿入された全塩基配列を決定した。クローン名を KkG とした。得られた全長の塩基配列を配列表の配列番号 2 に示し、全長のアミノ酸配列を配列表の配列番号 1 に示す。

発現蛋白は N 末端に His-tag が付くようにコンストラクトしたので発現蛋白は Ni-Agarose gel (QIAGEN) で精製した。精製の方法は付属のプロトコールに準じた。次に精製した蛋白の性質を解析した。

#### (7) 蛍光特性の解析

10  $\mu$ M 蛍光蛋白 (KkG) の PBS 溶液を用いて吸収スペクトルを測定した。このスペクトルのピークの値よりモル吸光係数を計算した。507 nm に吸収のピークが認められ、450 nm における吸収が 0.005 となるように蛍光蛋白を上記の緩衝液で希釈して、450 nm で励起した時の蛍光スペクトルを測定した (図 1)。EGFP (CLONTECH) を同様に 450 nm における吸収が 0.005 となるようにして蛍光スペクトルを測定し、EGFP の量子収率を 0.6 として本発明の蛋白質の量子収率を求めた。結果を表 1 に示す。

表 1

	励起極大	蛍光極大	モル吸光係数	量子収率	pH感受性	アミノ酸数
KkG	507nm	517nm	80000 (482nm)	0.68	pH5~11で安定	227

#### (8) pH 感受性の測定

下記の緩衝液で希釈して蛍光スペクトルを測定した。

各 pH の緩衝液は次の通り、

- pH4、5 : 酢酸バッファー
- pH6 : MES バッファー
- pH7 : MOPS バッファー
- pH8 : HEPES バッファー

pH9、10 : グリシンバッファー

pH11 : リン酸バッファー

蛍光極大の pH 依存性を測定した結果を図 2 に示す。

## 実施例 2 : 蛍光特性を改善した各種蛍光蛋白質の作製

(1) Green から Red へと蛍光特性を光 (紫外線及び紫光) 照射依存的に変換できる蛍光蛋白質の作製

Green から Red へと蛍光特性を光照射依存的に変換できない蛍光蛋白質 KkG の 62 番目のアスパラギン酸 (D) をヒスチジン (H) に置換することにより、蛍光蛋白質 KkG の蛍光特性を Green から Red へと光照射依存的に変換できる蛍光蛋白質 (KKH) (KKH のアミノ酸配列を配列番号 1 2 に示し、塩基配列を配列番号 1 3 に示す) へと性質を変化することが出来た (図 3、図 4)。図 4 A 2 の矢印は光照射後の Red の蛍光を放つ部分の吸収 (583nm) の増加を示す。蛍光蛋白質 KkG の 40 番目のメチオニン (M) をバリン (V) に、62 番目のアスパラギン酸 (D) をヒスチジン (H) に、198 番目のイソロイシン (I) をメチオニン (M) に置換することにより蛍光特性を Green から Red へと光照射依存的にできる蛍光蛋白質 (KKH) よりも光感受性の高い、つまり、弱い光で蛍光特性を Green から Red へと変換できる蛍光蛋白質 (H8PV) (H8PV のアミノ酸配列を配列番号 1 4 に示し、塩基配列を配列番号 1 5 に示す) にすることが出来た (図 3)。

蛍光蛋白質 KkG の 10 番目のメチオニン (M) をイソロイシン (I) に、12 番目のロイシン (L) をバリン (V) に、40 番目のメチオニン (M) をバリン (V) に、60 番目のバリン (V) をアラニン (A) に、62 番目のアスパラギン酸 (D) をヒスチジン (H) に、119 番目のチロシン (Y) をアスパラギン (N) に、144 番目のプロリン (P) をセリン (S) に、197 番目のアルギニン (R) をロイシン (L) に、198 番目のイソロイシン (I) をメチオニン (M) に置換することにより蛍光特性を Green から Red へと光照射依存的にできる蛍光蛋白質 (H8PV) よりも光感受性の高い、つまり、弱い光で蛍光特性を Green から Red へと変換できる蛍光蛋白質

(H38PVLM) (H38PVLM のアミノ酸配列を配列番号 16 に示し、塩基配列を配列番号 17 に示す) にすることが出来た (図 3)。

蛍光蛋白質 KkG の 10 番目のメチオニン (M) をイソロイシン (I) に、40 番目のメチオニン (M) をバリン (V) に、60 番目のバリン (V) をアラニン (A) に、62 番目のアスパラギン酸 (D) をヒスチジン (H) に、70 番目のリジン (K) をグルタミン酸 (E) に、119 番目のチロシン (Y) をアスパラギン (N) に、197 番目のアルギニン (R) をグルタミン (Q) に、198 番目のイソロイシン (I) をメチオニン (M) に置換することにより蛍光特性を Green から Red へと光照射依存的にできる蛍光蛋白質 (H38PVLM) よりも光感受性の高い、つまり、弱い光で蛍光特性を Green から Red へと変換できる蛍光蛋白質 (KikGR) (KikGR のアミノ酸配列を配列番号 18 に示し、塩基配列を配列番号 19 に示す) にすることが出来た (図 3、図 4)。

図 4A3、A4 は Green の蛍光 (517nm) を放つ部分の吸収 (507nm) が光照射により徐々に減少し、Red の蛍光 (593nm) を放つ部分の吸収 (583nm) が徐々に増加したことを示す。即ち、Green から Red へと蛍光特性を光照射依存的に変換できない任意の蛍光蛋白質で KkG の 62 番目に相当するアミノ酸、具体的には発色団を形成する 3 つのアミノ酸 XYG (図 3 のアスタリスク部分、X は任意のアミノ酸、Y は一般的にはチロシン、場合によってはフェニルアラニン、トリプトファン、ヒスチジンなどの芳香族アミノ酸もとりのる。G はグリシン。) の X をヒスチジンに置換することにより、蛍光特性を Green から Red へと光照射依存的に変換できる蛍光蛋白質をつくりだすことが出来る。さらに、Green から Red へと蛍光特性を光照射依存的に変換できない任意の蛍光蛋白質で KkG の 62 番目に相当するアミノ酸をヒスチジン (H) に置換したものに、任意の蛍光蛋白質で KkG の 10 番目に相当するアミノ酸をイソロイシン (I) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 12 番目に相当するアミノ酸をバリン (V) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 40 番目に相当するアミノ酸をバリン (V) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 60 番目に相当するアミノ酸をアラニン (A) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 70 番目に相当するアミノ酸

をグルタミン酸 (E) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 119 番目に相当するアミノ酸をアスパラギン (N) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 144 番目に相当するアミノ酸をセリン (S) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 197 番目に相当するアミノ酸をロイシン (L) またはグルタミン (Q) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 198 番目に相当するアミノ酸をメチオニン (M) にアミノ酸置換するうちの何れかのアミノ酸置換を含むことにより、蛍光特性を Green から Red へと光照射依存的に変換できる蛍光蛋白質をつくりだすことが出来、且つ、光感受性の高い、つまり、弱い光で蛍光特性を Green から Red へと変換できる蛍光蛋白質を作製することが出来る。

Green から Red へと蛍光特性を光照射依存的に変換できる蛍光蛋白質 Kaede と KikGR を大腸菌で発現させ比較すると KikGR の方が Green のときも、光照射特性変換後も蛍光強度が強いことが示された (図 5A)。Kaede と KikGR の遺伝子を HeLa 細胞に導入し発現させると、KikGR のほうが Kaede よりも早く蛍光を発した (図 5B)。また、HeLa 細胞で発現させた KikGR と Kaede を光照射により細胞内で Green から Red に蛍光特性を変化させたとき、KikGR は Kaede に較べて明らかに速く Green から Red への蛍光特性の変換が観察され、且つ、蛍光強度が強いことが示された (図 6A、B、C、D)。つまり、Kaede と KikGR のアミノ酸配列を比較したときに、アミノ酸が違っている部分は KikGR と同じアミノ酸置換により、Green から Red に蛍光特性を変換する速度が上がり、且つ、蛍光強度が強くなることが容易に予想される。特に図 3 のグレー部分は蛋白質が立体構造をとったときにアミノ酸側鎖が蛋白質内部に向くものであり、蛍光特性に大きな影響を与える可能性があることが容易に考えられる。具体的には、任意の蛍光蛋白質で KkG の 62 番目に相当するアミノ酸をヒスチジン (H) に置換したものに、任意の蛍光蛋白質で KkG の 54 番目に相当するアミノ酸をフェニルアラニン (F) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 69 番目に相当するアミノ酸をバリン (V) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 87 番目に相当するアミノ酸をチロシン (Y) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 93 番目に相当するアミノ酸をメチオニン (M) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 109 番目に相当するアミノ酸をメチオニン (M) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 121 番目に

相当するアミノ酸をイソロイシン (I) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 140 番目に相当するアミノ酸をバリン (V) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 160 番目に相当するアミノ酸をバリン (V) にアミノ酸置換するうちの何れかのアミノ酸置換を含むことにより、Green から Red に蛍光特性を変換する速度が上がり、且つ、蛍光強度が強い蛍光蛋白質を作製することができる。

(2) Purple から Blue へと蛍光特性を光 (紫外線及び紫光) 照射依存的に変換できる蛍光蛋白質の作製

Purple から Blue へと蛍光特性を光照射依存的に変換できない蛍光蛋白質 KkG の 60 番目のバリン (V) をアラニン (A) に、62 番目のアスパラギン酸 (D) をグリシン (G) に、63 番目のチロシン (Y) をヒスチジン (H) に、197 番目のヒスチジン (H) をロイシン (L) に、199 番目のイソロイシン (I) をトレオニン (T) に置換することにより、蛍光蛋白質 KkG の蛍光特性を Purple (380nm) から Blue (450nm) へと光照射依存的に変換できる蛍光蛋白質 (Kb12) へと性質を変化することが出来た (Kb12 のアミノ酸配列を配列番号 20 に示し、塩基配列を配列番号 21 に示す) (図 3、図 7、図 8、図 9)。つまり、任意の蛍光蛋白質で KkG の 60 番目に相当するアミノ酸をアラニン (A) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 62 番目に相当するアミノ酸をグリシン (G) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 63 番目に相当するアミノ酸をヒスチジン (H) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 196 番目に相当するアミノ酸をロイシン (L) に、任意の蛍光蛋白質で KkG の 198 番目に相当するアミノ酸をトレオニン (T) に置換することにより、また、前記アミノ酸置換の何れかを含むことによって蛍光特性を Purple から Blue へと光照射依存的に変換できる蛍光蛋白質を作製することができる。

#### 産業上の利用可能性

本発明により、スボミキクメイシ (*favia fava*) 由来の新規な蛍光蛋白質が提供されることになった。本発明の蛍光蛋白質は、従来の蛍光蛋白質とは一次構造

が異なる新規な蛋白質である。本発明の蛍光蛋白質は、所定の蛍光特性を有し、分子生物学的分析において有用である。即ち、本発明の蛍光蛋白質を用いることにより哺乳類細胞で毒性を発揮することなく蛍光ラベルができるようになった。今回のように全く新しい遺伝子を出発材料にすることで、より多くの異なる特性を示す蛍光物質が得られる可能性がある。

## 請求の範囲

1. スボミキクメイシ (*favia fava*) 由来の下記の特性を有する蛍光蛋白質。

- (1) 励起極大波長が 507 nm である；
- (2) 蛍光極大波長が 517 nm である；
- (3) 482 nm におけるモル吸光係数が 80000 である；
- (4) 量子収率が 0.68 である；
- (5) 蛍光極大の pH 感受性が pH = 5 ~ 11 で安定である；

2. 以下の何れかのアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質。

- (a) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列；又は、
- (b) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列において 1 から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光を有するアミノ酸配列；

3. 以下の何れかのアミノ酸配列において 62 番目にアミノ酸残基であるアスパラギン酸をヒスチジンに置換したアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質。

- (a) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列；又は、
- (b) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列において 1 から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光を有するアミノ酸配列；

4. 以下の何れかのアミノ酸配列において 40 番目のアミノ酸残基であるメチオニンをバリンに、62 番目のアミノ酸残基であるアスパラギン酸をヒスチジンに、198 番目のアミノ酸残基であるイソロイシンをメチオニンに置換したアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質。

- (a) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列；又は、
- (b) 配列番号 1 に記載のアミノ酸配列において 1 から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光を有するアミノ酸配列；

5. 以下の何れかのアミノ酸配列において 10 番目のアミノ酸残基であるメチオニンをイソロイシンに、12 番目のアミノ酸残基であるロイシンをバリンに、40 番目のアミノ酸残基であるメチオニンをバリンに、60 番目のアミノ酸残基

であるバリンをアラニンに、62番目のアミノ酸残基であるアスパラギン酸をヒスチジンに、119番目のアミノ酸残基であるチロシンをアスパラギンに、144番目のアミノ酸残基であるプロリンをセリンに、197番目のアミノ酸残基であるアルギニンをロイシンに、198番目のアミノ酸残基であるイソロイシンをメチオニンに置換したアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質。

(a) 配列番号1に記載のアミノ酸配列；又は、

(b) 配列番号1に記載のアミノ酸配列において1から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光を有するアミノ酸配列：

6. 以下の何れかのアミノ酸配列において10番目のアミノ酸残基であるメチオニンをイソロイシンに、40番目のアミノ酸残基であるメチオニンをバリンに、60番目のアミノ酸残基であるバリンをアラニンに、62番目のアミノ酸残基であるアスパラギン酸をヒスチジンに、70番目のアミノ酸残基であるリジンをグルタミン酸に、119番目のアミノ酸残基であるチロシンをアスパラギンに、197番目のアミノ酸残基であるアルギニンをグルタミンに、198番目のアミノ酸残基であるイソロイシンをメチオニンに置換したアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質。

(a) 配列番号1に記載のアミノ酸配列；又は、

(b) 配列番号1に記載のアミノ酸配列において1から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光を有するアミノ酸配列：

7. 以下の何れかのアミノ酸配列において60番目のアミノ酸残基であるバリンをアラニンに、62番目のアミノ酸残基であるアスパラギン酸をグリシンに、63番目のアミノ酸残基であるチロシンをヒスチジンに、196番目のアミノ酸残基であるヒスチジンをロイシンに、198番目のアミノ酸残基であるイソロイシンをトレオニンに置換したアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質。

(a) 配列番号1に記載のアミノ酸配列；又は、

(b) 配列番号1に記載のアミノ酸配列において1から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光を有するアミノ酸配列：

8. 請求項1から7の何れかに記載の蛋白質をコードするDNA。
9. 以下の何れかのDNA。
  - (a) 配列番号1に記載のアミノ酸配列をコードするDNA；又は、
  - (b) 配列番号1に記載のアミノ酸配列において1から数個のアミノ酸の欠失、置換及び／又は付加を有するアミノ酸配列を有し、蛍光蛋白質をコードするDNA：
10. 以下の何れかの塩基配列を有するDNA。
  - (a) 配列番号2に記載の塩基配列；又は、
  - (b) 配列番号2に記載の塩基配列において1から数個の塩基の欠失、置換及び／又は付加を有する塩基配列を有し、蛍光蛋白質をコードする塩基配列：
11. 以下の何れかの塩基配列を有するDNA。
  - (a) 配列番号13、15、17、19又は21に記載の塩基配列；又は、
  - (b) 配列番号13、15、17、19又は21に記載の塩基配列において1から数個の塩基の欠失、置換及び／又は付加を有する塩基配列を有し、蛍光蛋白質をコードする塩基配列：
12. 請求項8から11の何れかに記載のDNAを有する組み換えベクター。
13. 請求項8から11の何れかに記載のDNA又は請求項12に記載の組み換えベクターを有する形質転換体。
14. 請求項1から7の何れかに記載の蛍光蛋白質と他の蛋白質とから成る融合蛍光蛋白質。
15. 他の蛋白質が細胞内に局在する蛋白質である、請求項14に記載の融合蛍光蛋白質。
16. 他の蛋白質が細胞内小器官に特異的な蛋白質である、請求項14又は15に記載の融合蛍光蛋白質。
17. 請求項14から16の何れかに記載の融合蛍光蛋白質を細胞内で発現させることを特徴とする、細胞内における蛋白質の局在または動態を分析する方法。

18. 請求項1から7の何れかに記載の蛍光蛋白質、請求項8から11の何れかに記載のDNA、請求項12に記載の組み換えベクター、請求項13に記載の形質転換体、又は請求項14から16の何れかに記載の融合蛍光蛋白質を含む、蛍光試薬キット。

19. Green から Red へと蛍光特性を光照射依存的に変換できない蛍光蛋白質において、配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の62番目に相当するアミノ酸をヒスチジンに置換することを含む、蛍光特性を Green から Red へと光照射依存的に変換できる蛍光蛋白質を製造する方法。

20. Green から Red へと蛍光特性を光照射依存的に変換できない蛍光蛋白質において、下記の置換のうちの少なくとも1以上のアミノ酸置換を行うことを含む、蛍光特性を Green から Red へと光照射依存的に変換できる蛍光蛋白質を製造する方法。

- (1) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の62番目に相当するアミノ酸についてヒスチジンへの置換；
- (2) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の10番目に相当するアミノ酸についてイソロイシンへの置換；
- (3) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の12番目に相当するアミノ酸についてバリンへの置換；
- (4) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の40番目に相当するアミノ酸についてバリンへの置換；
- (5) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の60番目に相当するアミノ酸についてアラニンへの置換；
- (6) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の70番目に相当するアミノ酸についてグルタミン酸への置換；
- (7) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の119番目に相当するアミノ酸についてアスパラギンへの置換；
- (8) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の144番

目に相当するアミノ酸についてセリンへの置換；

(9) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 197 番目に相当するアミノ酸についてロイシンまたはグルタミンへの置換；又は

(10) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 198 番目に相当するアミノ酸についてメチオニンへの置換；

21. 蛍光蛋白質において、下記の置換のうちの少なくとも 1 以上のアミノ酸置換を行うことを含む、Green から Red に蛍光特性を変換する速度が上がり、且つ、蛍光強度が増大した蛍光蛋白質を製造する方法。

(1) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 62 番目に相当するアミノ酸についてヒスチジンへの置換；

(2) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 54 番目に相当するアミノ酸についてフェニルアラニンへの置換；

(3) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 69 番目に相当するアミノ酸についてバリンへの置換；

(4) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 87 番目に相当するアミノ酸についてチロシンへの置換；

(5) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 93 番目に相当するアミノ酸についてメチオニンへの置換；

(6) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 109 番目に相当するアミノ酸についてメチオニンへの置換；

(7) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 121 番目に相当するアミノ酸についてイソロイシンへの置換；

(8) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 140 番目に相当するアミノ酸についてバリンへの置換；又は

(9) 配列表の配列番号 1 に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の 160 番目に相当するアミノ酸についてバリンへの置換；

22. Purple から Blue へと蛍光特性を光照射依存的に変換できない蛍光蛋

白質において、下記の置換のうちの少なくとも1以上のアミノ酸置換を行うことを含む、蛍光特性を Purple から Blue へと光照射依存的に変換できる蛍光蛋白質を製造する方法。

- (1) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の60番目に相当するアミノ酸についてアラニンへの置換；
- (2) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の62番目に相当するアミノ酸についてグリシンへの置換；
- (3) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の63番目に相当するアミノ酸についてヒスチジンへの置換；
- (4) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の196番目に相当するアミノ酸についてロイシンへの置換；又は
- (5) 配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を有する蛍光蛋白質の198番目に相当するアミノ酸についてトレオニンへの置換；

図 1

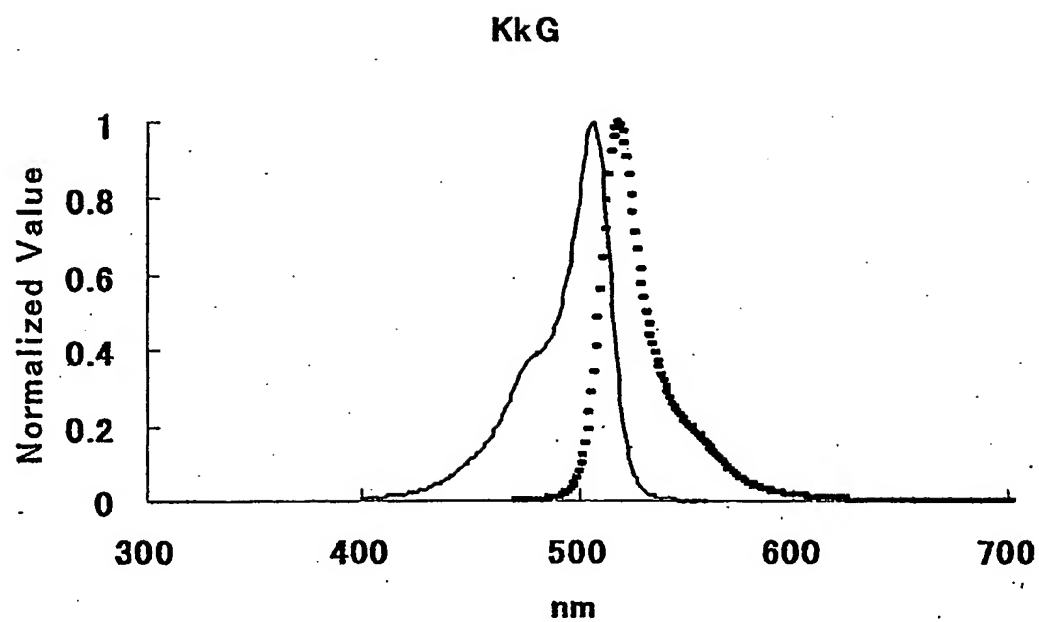


図 2

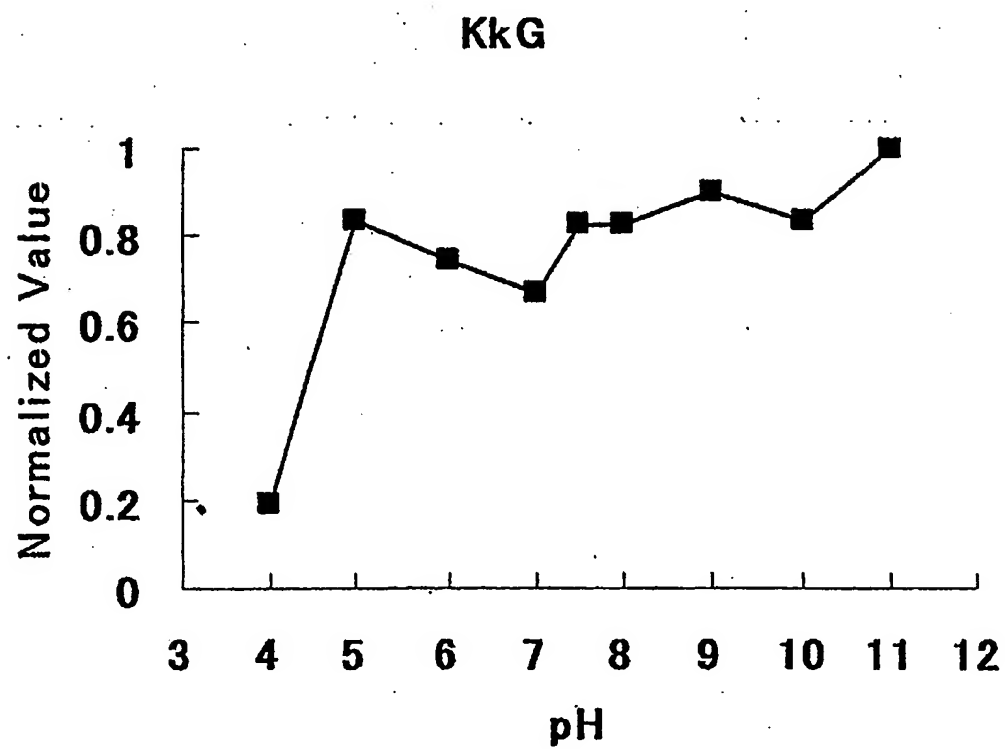




図 4

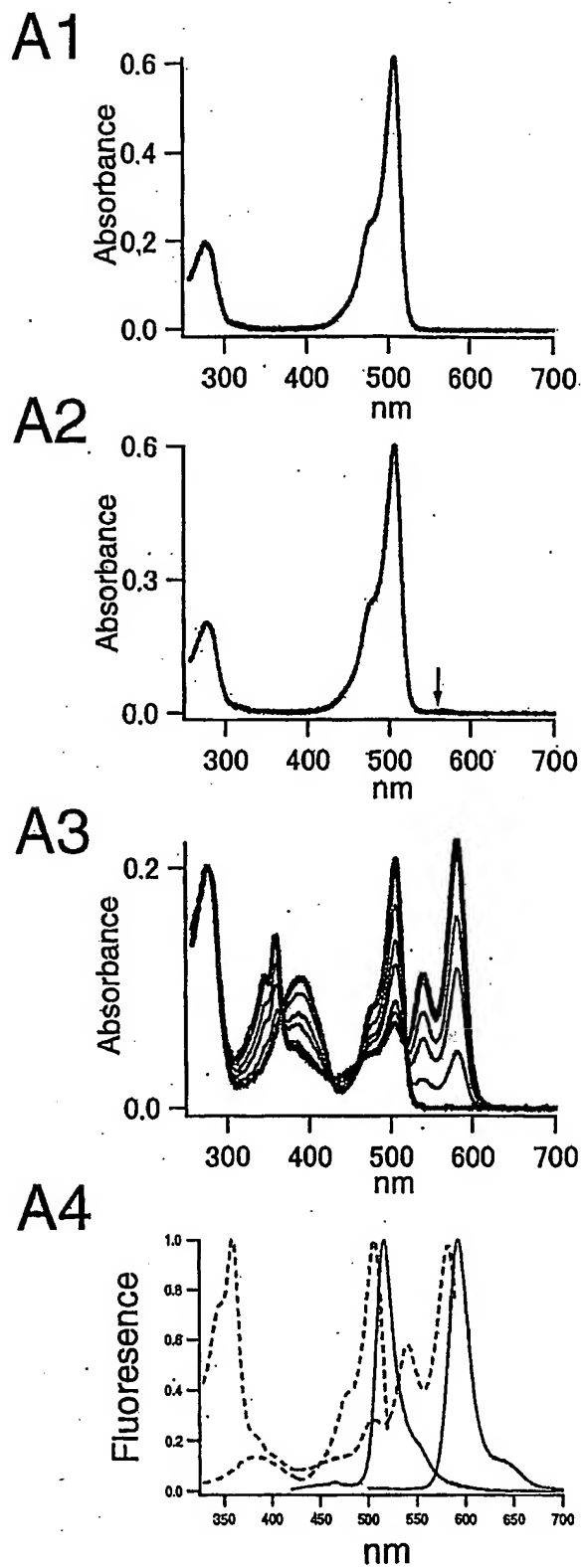


図 5

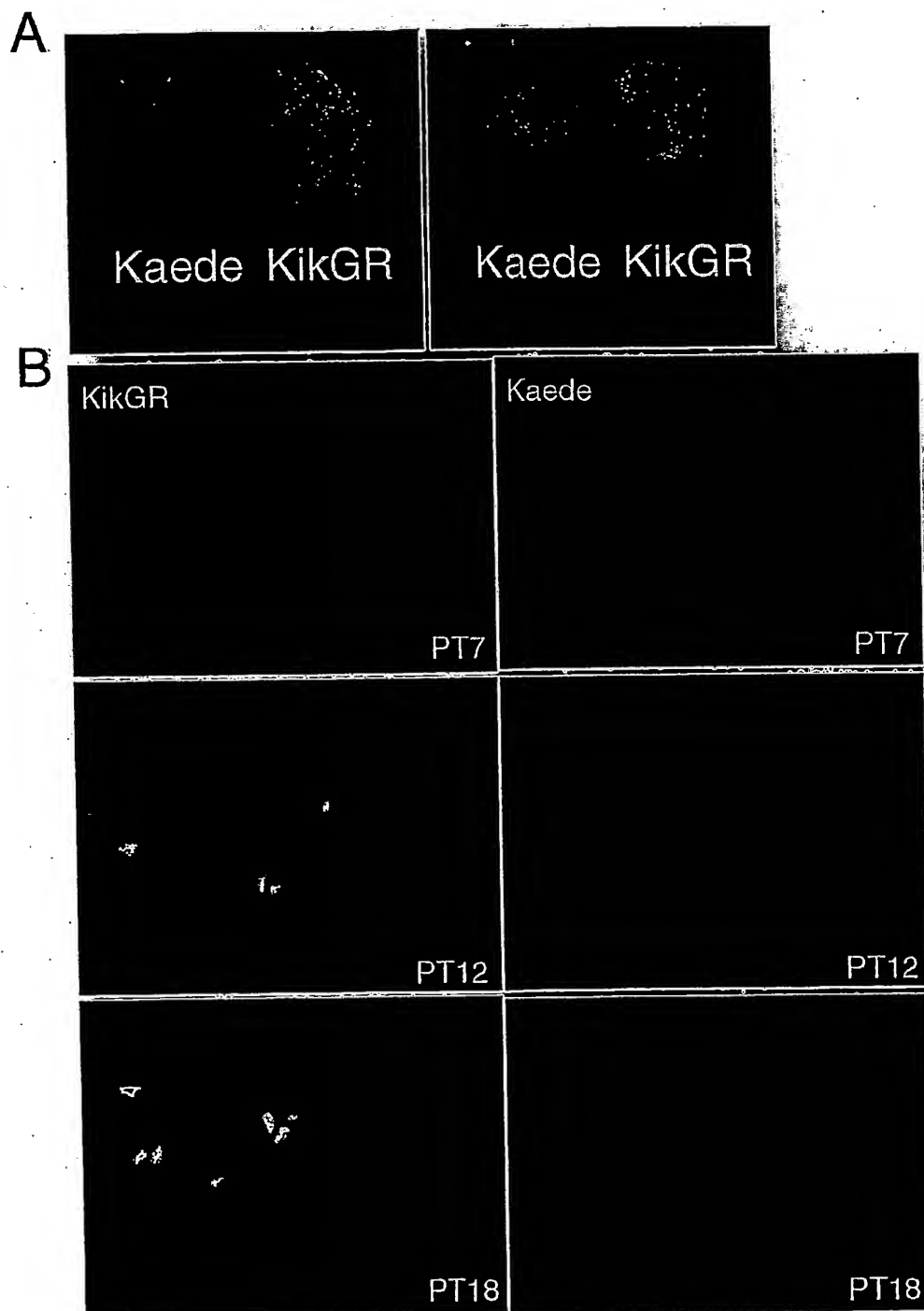


図 6

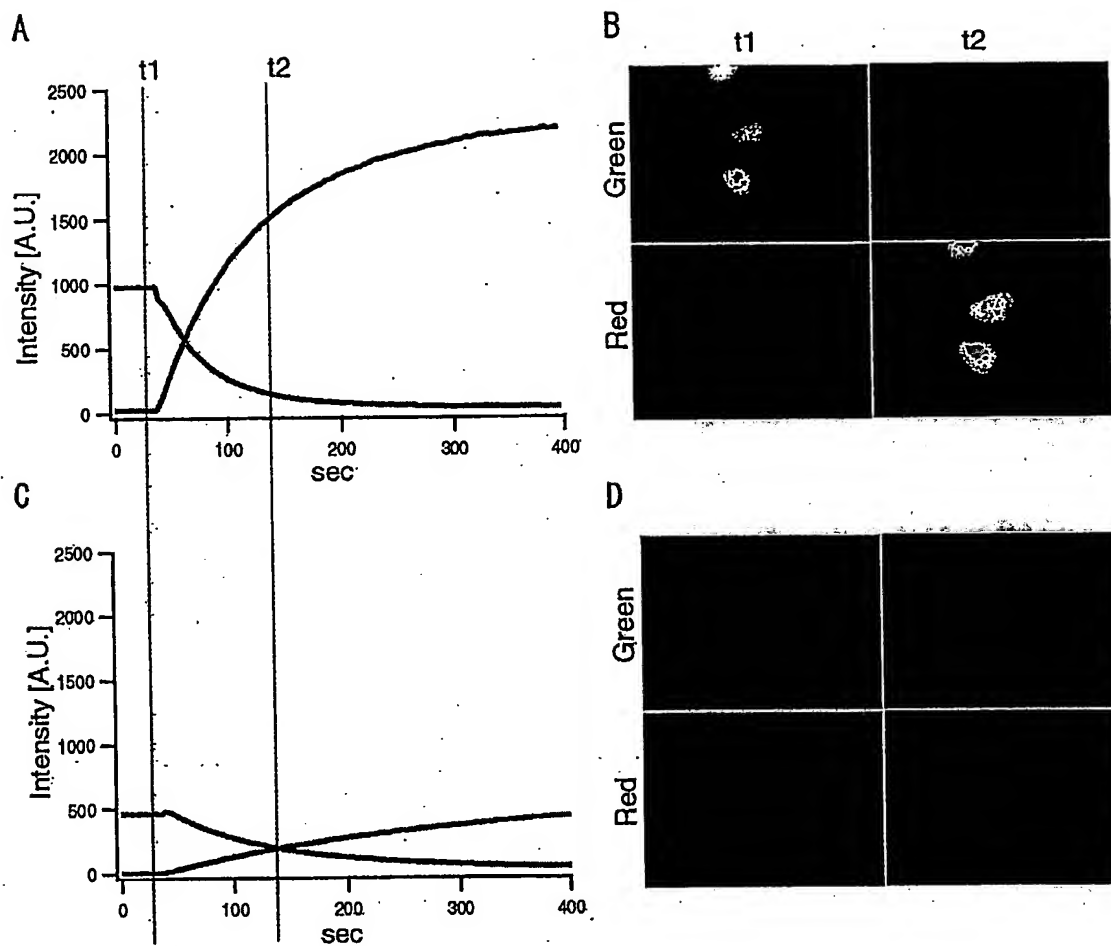


図 7

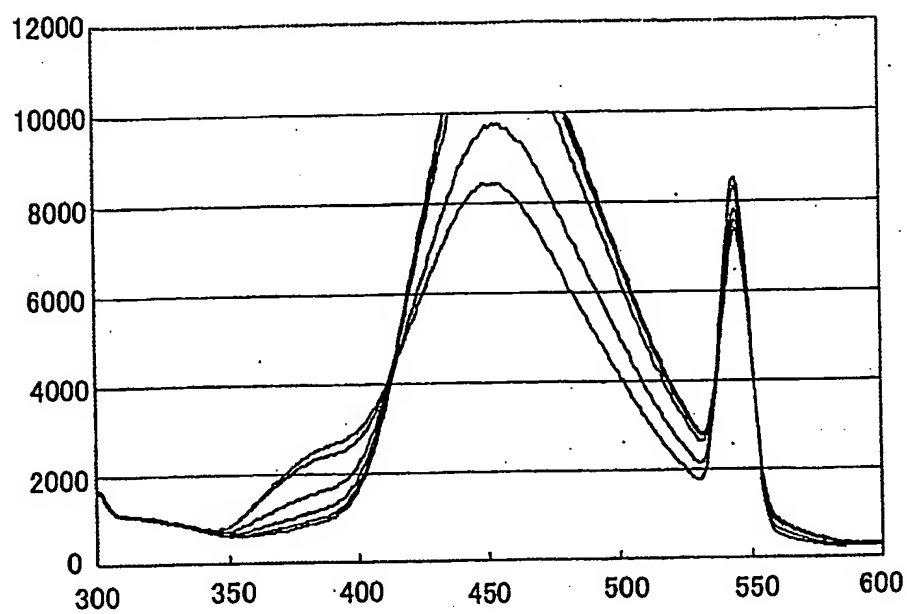


図 8

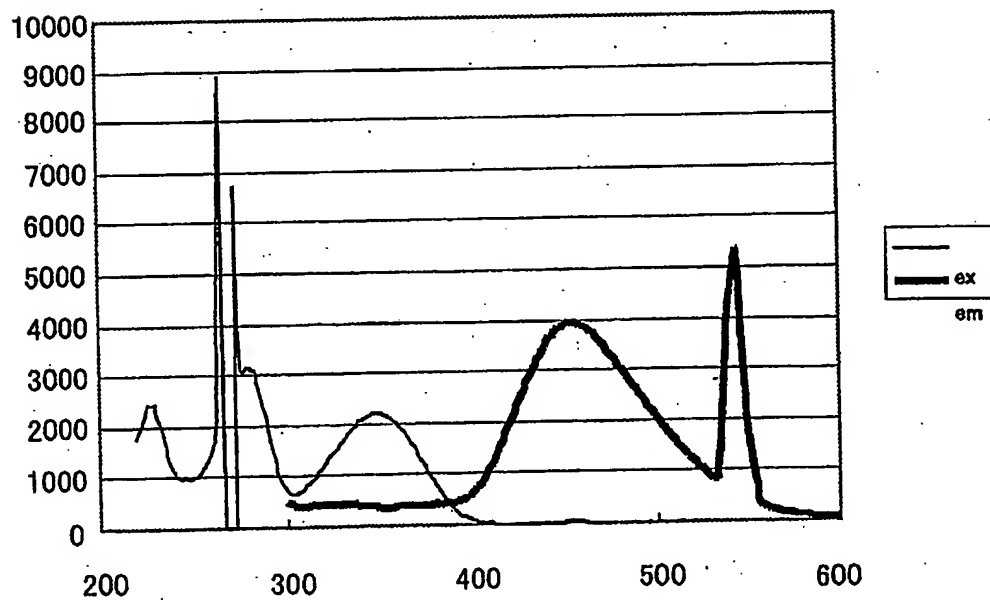
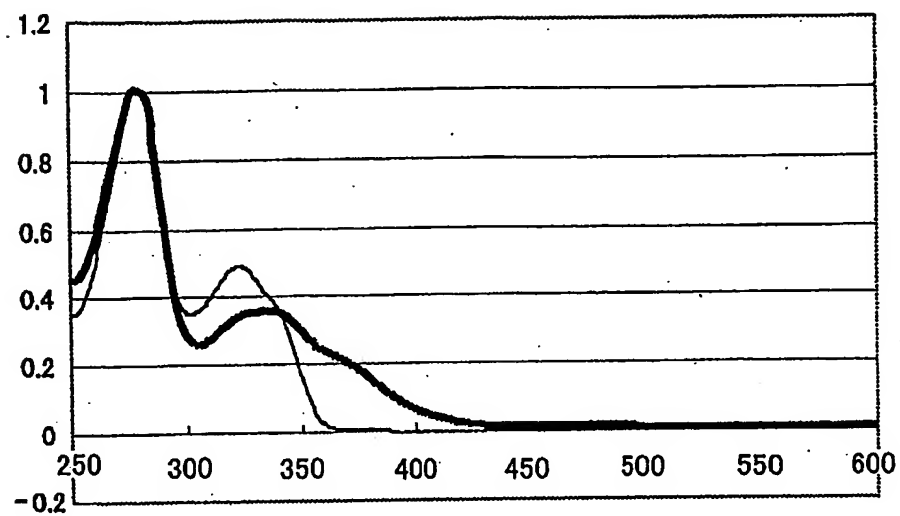


図 9



## SEQUENCE LISTING

&lt;110&gt; RIKEN

&lt;120&gt; Fluorescent protein

&lt;130&gt; A41348A

&lt;160&gt; 21

&lt;210&gt; 1

&lt;211&gt; 227

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; favia fava

&lt;400&gt; 1

Met Ser Val Ile Thr Ser Glu Met Lys Met Glu Leu Leu Met Glu Gly

1 5 10 15

Ala Val Asn Gly His Lys Phe Val Ile Thr Gly Lys Gly Ser Gly Gln

20 25 30

Pro Phe Glu Gly Ile Gln Asn Met Asp Leu Thr Val Ile Glu Gly Gly

35 40 45

Pro Leu Pro Phe Ala Phe Asp Ile Leu Thr Thr Val Phe Asp Tyr Gly

50 55 60

Asn Arg Val Phe Val Lys Tyr Pro Glu Glu Ile Val Asp Tyr Phe Lys

65 70 75 80

Gln Ser Phe Pro Glu Gly Tyr Ser Trp Glu Arg Ser Met Ser Tyr Glu

85 90 96

Asp Gly Gly Ile Cys Leu Ala Thr Asn Asn Ile Thr Met Lys Lys Asp

100 105 110

Gly Ser Asn Cys Phe Val Tyr Glu Ile Arg Phe Asp Gly Val Asn Phe

115 120 125

Pro Ala Asn Gly Pro Val Met Gln Arg Lys Thr Val Lys Trp Glu Pro

130                      135                      140  
 Ser Thr Glu Lys Met Tyr Val Arg Asp Gly Val Leu Lys Gly Asp Val  
 145                      150                      155                      160  
 Asn Met Ala Leu Leu Leu Gln Gly Gly Gly His Tyr Arg Cys Asp Phe  
                     165                      170                      175  
 Arg Thr Thr Tyr Lys Ala Lys Lys Val Val Gln Leu Pro Asp Tyr His  
                     180                      185                      190  
 Phe Val Asp His Arg Ile Glu Ile Thr Ser His Asp Lys Asp Tyr Asn  
                     195                      200                      205  
 Lys Val Lys Leu Tyr Glu His Ala Lys Ala His Ser Gly Leu Pro Arg  
                     210                      215                      220  
 Leu Ala Lys

225

&lt;210&gt; 2

&lt;211&gt; 684

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; favia favius

&lt;400&gt; 2

atg agt gtg att aca tca gaa atg aag atg gag ctg ctt atg gaa ggc 48

Met Ser Val Ile Thr Ser Glu Met Lys Met Glu Leu Leu Met Glu Gly

1                      5                      10                      15

gct gta aac ggg cac aag ttc gtg att aca ggg aaa gga agt ggc cag 96

Ala Val Asn Gly His Lys Phe Val Ile Thr Gly Lys Gly Ser Gly Gln

20                      25                      30

cct ttc gag gga ata cag aat atg gac ctg aca gtc ata gag ggc gga 144

Pro Phe Glu Gly Ile Gln Asn Met Asp Leu Thr Val Ile Glu Gly Gly

35

40

45

cct ctt cct ttt gct ttc gat atc ctg aca aca gta ttc gat tac ggc 192  
Pro Leu Pro Phe Ala Phe Asp Ile Leu Thr Thr Val Phe Asp Tyr Gly  
50 55 60  
aac cgg gta ttt gtc aaa tac cca gaa gaa ata gta gac tac ttc aag 240  
Asn Arg Val Phe Val Lys Tyr Pro Glu Glu Ile Val Asp Tyr Phe Lys  
65 70 75 80  
cag tcg ttt cct gag ggt tat tct tgg gaa cga agc atg agt tac gaa 288  
Gln Ser Phe Pro Glu Gly Tyr Ser Trp Glu Arg Ser Met Ser Tyr Glu  
85 90 96  
gac ggg gga att tgc ctc gcc aca aac aat ata acg atg aag aaa gac 336  
Asp Gly Gly Ile Cys Leu Ala Thr Asn Asn Ile Thr Met Lys Lys Asp  
100 105 110  
ggc agc aac tgt ttt gtc tat gaa att cga ttt gat ggt gtg aac ttt 384  
Gly Ser Asn Cys Phe Val Tyr Glu Ile Arg Phe Asp Gly Val Asn Phe  
115 120 125  
cct gcc aat ggt cca gtt atg cag agg aag acc gtc aaa tgg gag cca 432  
Pro Ala Asn Gly Pro Val Met Gln Arg Lys Thr Val Lys Trp Glu Pro  
130 135 140  
tcc act gag aaa atg tat gtg cgt gat gga gtg ctg aag ggt gat gtt 480  
Ser Thr Glu Lys Met Tyr Val Arg Asp Gly Val Leu Lys Gly Asp Val  
145 150 155 160  
aac atg gct ctg ttg ctt caa gga ggt ggc cat tac cga tgt gac ttc 528  
Asn Met Ala Leu Leu Leu Gln Gly Gly Gly His Tyr Arg Cys Asp Phe  
165 170 175  
aga act act tac aaa gca aag aag gtt gtc cag ttg cca gac tat cac 576  
Arg Thr Thr Tyr Lys Ala Lys Lys Val Val Gln Leu Pro Asp Tyr His  
180 185 190

ttc gtg gat cat cga att gag ata aca agc cat gac aag gat tac aac 624

Phe Val Asp His Arg Ile Glu Ile Thr Ser His Asp Lys Asp Tyr Asn

195

200

205

aag gtt aag ctg tat gag cat gct aaa gct cat tcc ggg ctg cca agg 672

Lys Val Lys Leu Tyr Glu His Ala Lys Ala His Ser Gly Leu Pro Arg

210

215

220

ctg gcc aag taa

684

Leu Ala Lys

225

<210> 3

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 3

ggiwsbgtia ayggvcayda ntt

23

<210> 4

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 4

aactggaaga attcgcggcc gcaggaa

27

<210> 5

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 5

tgccwtttgc ittigayati ttg 23

<210> 6

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 6

gtcitcttyt gcaciagigg iccatydgva ggaaa 35

<210> 7

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 7

ggccacgcgt cgactagtagt gggiigggii gggiig 36

<210> 8

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 8

ttgtcaagat atcgaaagcg aacggcagag 30

<210> 9

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 9

ggccacgcgt cgactagtac 20

<210> 10

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 10

gtccaccctc tacgactttg agttccatat 30

<210> 11

<211> 44

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 11

cccggatccg atgagtgtga ttacawcaga aatgaagatg gagc 44

&lt;210&gt; 12

&lt;211&gt; 227

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; favia fava

&lt;400&gt; 12

Met Ser Val Ile Thr Ser Glu Met Lys Met Glu Leu Arg Met Glu Gly

1 5 10 15

Ala Val Asn Gly His Lys Phe Val Ile Thr Gly Lys Gly Ser Gly Gln

20 25 30

Pro Phe Glu Gly Ile Gln Asn Met Asp Leu Thr Val Ile Glu Gly Gly

35 40 45

Pro Leu Pro Phe Ala Phe Asp Ile Leu Thr Thr Val Phe His Tyr Gly

50 55 60

Asn Arg Val Phe Val Lys Tyr Pro Glu Glu Ile Val Asp Tyr Phe Lys

65 70 75 80

Gln Ser Phe Pro Glu Gly Tyr Ser Trp Glu Arg Ser Met Ser Tyr Glu

85 90 95

Asp Gly Gly Ile Cys Leu Ala Thr Asn Asn Ile Thr Met Lys Lys Asp

100 105 110

Gly Ser Asn Cys Phe Val Tyr Glu Ile Arg Phe Asp Gly Val Asn Phe

115 120 125

Pro Ala Asn Gly Pro Val Met Gln Arg Lys Thr Val Lys Trp Glu Pro

130 135 140

Ser Thr Glu Lys Met Tyr Val Arg Asp Gly Val Leu Lys Gly Asp Val

145 150 155 160

Asn Met Ala Leu Leu Leu Gln Gly Gly Gly His Tyr Arg Cys Asp Phe

165 170 175

Arg Thr Thr Tyr Lys Ala Lys Lys Val Val Gln Leu Pro Asp Tyr His

180

185

190

Phe Val Asp His Arg Ile Glu Ile Thr Ser His Asp Lys Asp Tyr Asn

195

200

205

Lys Val Lys Leu Tyr Glu His Ala Lys Ala His Ser Gly Leu Pro Arg

210

215

220

Leu Ala Lys

225

&lt;210&gt; 13

&lt;211&gt; 684

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; favia favius

&lt;400&gt; 13

atg agt gtg att aca tca gaa atg aag atg gag ctg cgt atg gaa ggc 48

Met Ser Val Ile Thr Ser Glu Met Lys Met Glu Leu Arg Met Glu Gly

1

5

10

15

gct gta aac ggg cac aag ttc gtg att aca ggg aaa gga agt ggc cag 96

Ala Val Asn Gly His Lys Phe Val Ile Thr Gly Lys Gly Ser Gly Gln

20

25

30

cct ttc gag gga ata cag aat atg gac ctg aca gtc ata gag ggc gga 144

Pro Phe Glu Gly Ile Gln Asn Met Asp Leu Thr Val Ile Glu Gly Gly

35

40

45

cct ctt cct ttt gct ttc gat atc ctg aca aca gta ttc cat tac ggc 192

Pro Leu Pro Phe Ala Phe Asp Ile Leu Thr Thr Val Phe His Tyr Gly

50

55

60

aac cgg gta ttt gtc aaa tac cca gaa gaa ata gta gac tac ttc aag 240

Asn Arg Val Phe Val Lys Tyr Pro Glu Glu Ile Val Asp Tyr Phe Lys

9/22

210 215 220 684

ctg gcc aag taa

Leu Ala Lys

225

<210> 14

<211> 227

<212> PRT

<213> favia fava

<400> 14

Met Ser Val Ile Thr Ser Glu Met Lys Met Glu Leu Arg Met Glu Gly

1 5 10 15

Ala Val Asn Gly His Lys Phe Val Ile Thr Gly Lys Gly Ser Gly Gln

20 25 30

Pro Phe Glu Gly Ile Gln Asn Val Asp Leu Thr Val Ile Glu Gly Gly

35 40 45

Pro Leu Pro Phe Ala Phe Asp Ile Leu Thr Thr Val Phe His Tyr Gly

50 55 60

Asn Arg Val Phe Val Lys Tyr Pro Glu Glu Ile Val Asp Tyr Phe Lys

65 70 75 80

Gln Ser Phe Pro Glu Gly Tyr Ser Trp Glu Arg Ser Met Ser Tyr Glu

85 90 95

Asp Gly Gly Ile Cys Leu Ala Thr Asn Asn Ile Thr Met Lys Lys Asp

100 105 110

Gly Ser Asn Cys Phe Val Tyr Glu Ile Arg Phe Asp Gly Val Asn Phe

115 120 125

Pro Ala Asn Gly Pro Val Met Gln Arg Lys Thr Val Lys Trp Glu Pro

130 135 140

Ser Thr Glu Lys Met Tyr Val Arg Asp Gly Val Leu Lys Gly Asp Val

145 150 155 160

Asn Met Ala Leu Leu Leu Gln Gly Gly Gly His Tyr Arg Cys Asp Phe

165 170 175

Arg Thr Thr Tyr Lys Ala Lys Lys Val Val Gln Leu Pro Asp Tyr His

180 185 190

Phe Val Asp His Arg Met Glu Ile Thr Ser His Asp Lys Asp Tyr Asn

195 200 205

Lys Val Lys Leu Tyr Glu His Ala Lys Ala His Ser Gly Leu Pro Arg

210 215 220

Leu Ala Lys

225

<210> 15

<211> 684

<212> DNA

<213> favia favius

<400> 15

atg agt gtg att aca tca gaa atg aag atg gag ctg cgt atg gaa ggc 48

Met Ser Val Ile Thr Ser Glu Met Lys Met Glu Leu Arg Met Glu Gly

1 5 10 15

gct gta aac ggg cac aag ttc gtg att aca ggg aaa gga agt ggc cag 96

Ala Val Asn Gly His Lys Phe Val Ile Thr Gly Lys Gly Ser Gly Gln

20 25 30

cct ttc gag gga ata cag aat gtg gac ctg aca gtc ata gag ggc gga 144

Pro Phe Glu Gly Ile Gln Asn Val Asp Leu Thr Val Ile Glu Gly Gly

35 40 45

cct ctt cct ttt gct ttc gat atc ctg aca aca gta ttc cat tac ggc 192

Pro Leu Pro Phe Ala Phe Asp Ile Leu Thr Thr Val Phe His Tyr Gly

50

55

60

aac cgg gta ttt gtc aaa tac cca gaa gaa ata gta gac tac ttc aag 240

Asn Arg Val Phe Val Lys Tyr Pro Glu Glu Ile Val Asp Tyr Phe Lys

65

70

75

80

cag tcg ttt cct gag ggt tat tct tgg gaa cga agc atg agt tac gaa 288

Gln Ser Phe Pro Glu Gly Tyr Ser Trp Glu Arg Ser Met Ser Tyr Glu

85

90

95

gac ggg gga att tgc ctc gcc aca aac aat ata acg atg aag aaa gac 336

Asp Gly Gly Ile Cys Leu Ala Thr Asn Asn Ile Thr Met Lys Lys Asp

100

105

110

ggc agc aac tgt ttt gtc tat gaa att cga ttt gat ggt gtg aac ttt 384

Gly Ser Asn Cys Phe Val Tyr Glu Ile Arg Phe Asp Gly Val Asn Phe

115

120

125

cct gcc aat ggt cca gtt atg cag agg aag acc gtc aaa tgg gag cca 432

Pro Ala Asn Gly Pro Val Met Gln Arg Lys Thr Val Lys Trp Glu Pro

130

135

140

tcc act gag aaa atg tat gtg cgt gat gga gtg ctg aag ggt gat gtt 480

Ser Thr Glu Lys Met Tyr Val Arg Asp Gly Val Leu Lys Gly Asp Val

145

150

155

160

aac atg gct ctg ttg ctt caa gga ggt ggc cat tac cga tgt gac ttc 528

Asn Met Ala Leu Leu Leu Gln Gly Gly Gly His Tyr Arg Cys Asp Phe

165

170

175

aga act act tac aaa gca aag aag gtt gtc cag ttg cca gac tat cac 576

Arg Thr Thr Tyr Lys Ala Lys Lys Val Val Gln Leu Pro Asp Tyr His

180

185

190

ttc gtg gat cat cga atg gag ata aca agc cat gac aag gat tac aac 624

Phe Val Asp His Arg Met Glu Ile Thr Ser His Asp Lys Asp Tyr Asn

195

200

205

aag gtt aag ctg tat gag cat gct aaa gct cat tcc ggg ctg cca agg 672

Lys Val Lys Leu Tyr Glu His Ala Lys Ala His Ser Gly Leu Pro Arg

210

215

220

ctg gcc aag taa

684

Leu Ala Lys

225

&lt;210&gt; 16

&lt;211&gt; 227

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; favia favius

&lt;400&gt; 16

Met Ser Val Ile Thr Ser Glu Met Lys Ile Glu Val Arg Met Glu Gly

1

5

10

15

Ala Val Asn Gly His Lys Phe Val Ile Thr Gly Lys Gly Ser Gly Gln

20

25

30

Pro Phe Glu Gly Ile Gln Asn Val Asp Leu Thr Val Ile Glu Gly Gly

35

40

45

Pro Leu Pro Phe Ala Phe Asp Ile Leu Thr Thr Ala Phe His Tyr Gly

50

55

60

Asn Arg Val Phe Val Lys Tyr Pro Glu Glu Ile Val Asp Tyr Phe Lys

65

70

75

80

Gln Ser Phe Pro Glu Gly Tyr Ser Trp Glu Arg Ser Met Ser Tyr Glu

85

90

95

Asp Gly Gly Ile Cys Leu Ala Thr Asn Asn Ile Thr Met Lys Lys Asp

100

105

110

Gly Ser Asn Cys Phe Val Asn Glu Ile Arg Phe Asp Gly Val Asn Phe

115

120

125

Pro Ala Asn Gly Pro Val Met Gln Arg Lys Thr Val Lys Trp Glu Ser

130

135

140

Ser Thr Glu Lys Met Tyr Val Arg Asp Gly Val Leu Lys Gly Asp Val

145

150

155

160

Asn Met Ala Leu Leu Leu Gln Gly Gly Gly His Tyr Arg Cys Asp Phe

165

170

175

Arg Thr Thr Tyr Lys Ala Lys Lys Val Val Gln Leu Pro Asp Tyr His

180

185

190

Phe Val Asp His Leu Met Glu Ile Thr Ser His Asp Lys Asp Tyr Asn

195

200

205

Lys Val Lys Leu Tyr Glu His Ala Lys Ala His Ser Gly Leu Pro Arg

210

215

220

Leu Ala Lys

225

&lt;210&gt; 17

&lt;211&gt; 684

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; favia favius

&lt;400&gt; 17

atg agt gtg att aca tca gaa atg aag atc gag gtg cgt atg gaa ggc 48

Met Ser Val Ile Thr Ser Glu Met Lys Ile Glu Val Arg Met Glu Gly

1

5

10

15

gct gta aac ggg cac aag ttc gtg att aca ggg aaa gga agt ggc cag 96

Ala Val Asn Gly His Lys Phe Val Ile Thr Gly Lys Gly Ser Gly Gln

20

25

30

cct ttc gag gga ata cag aat gtg gac ctg aca gtc ata gag ggc gga 144

Pro Phe Glu Gly Ile Gln Asn Val Asp Leu Thr Val Ile Glu Gly Gly

35

40

45

cct ctt cct ttt gct ttc gat atc ctg aca aca gca ttc cat tac ggc 192

Pro Leu Pro Phe Ala Phe Asp Ile Leu Thr Thr Ala Phe His Tyr Gly

50

55

60

aac cgg gta ttt gtc aaa tac cca gaa gaa ata gta gac tac ttc aag 240

Asn Arg Val Phe Val Lys Tyr Pro Glu Glu Ile Val Asp Tyr Phe Lys

65

70

75

80

cag tcg ttt cct gag ggt tat tct tgg gaa cga agc atg agt tac gaa 288

Gln Ser Phe Pro Glu Gly Tyr Ser Trp Glu Arg Ser Met Ser Tyr Glu

85

90

95

gac ggg gga att tgc ctc gcc aca aac aat ata acg atg aag aaa gac 336

Asp Gly Gly Ile Cys Leu Ala Thr Asn Asn Ile Thr Met Lys Lys Asp

100

105

110

ggc agc aac tgt ttt gtc aat gaa att cga ttt gat ggt gtg aac ttt 384

Gly Ser Asn Cys Phe Val Asn Glu Ile Arg Phe Asp Gly Val Asn Phe

115

120

125

cct gcc aat ggt cca gtt atg cag agg aag acc gtc aaa tgg gag tca 432

Pro Ala Asn Gly Pro Val Met Gln Arg Lys Thr Val Lys Trp Glu Ser

130

135

140

tcc act gag aaa atg tat gtg cgt gat gga gtg ctg aag ggt gat gtt 480

Ser Thr Glu Lys Met Tyr Val Arg Asp Gly Val Leu Lys Gly Asp Val

145

150

155

160

aac atg gct ctg ttg ctt caa gga ggt ggc cat tac cga tgt gac ttc 528

Asn Met Ala Leu Leu Leu Gln Gly Gly Gly His Tyr Arg Cys Asp Phe

165

170

175

aga act act tac aaa gca aag aag gtt gtc cag ttg cca gac tat cac 576

Arg Thr Thr Tyr Lys Ala Lys Lys Val Val Gln Leu Pro Asp Tyr His

180

185

190

ttc gtg gat cat cta atg gag ata aca agc cat gac aag gat tac aac 624

Phe Val Asp His Leu Met Glu Ile Thr Ser His Asp Lys Asp Tyr Asn

195

200

205

aag gtt aag ctg tat gag cat gct aaa gct cat tcc ggg ctg cca agg 672

Lys Val Lys Leu Tyr Glu His Ala Lys Ala His Ser Gly Leu Pro Arg

210

215

220

ctg gcc aag taa

684

Leu Ala Lys

225

&lt;210&gt; 18

&lt;211&gt; 227

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; favia favius

&lt;400&gt; 18

Met Ser Val Ile Thr Ser Glu Met Lys Ile Glu Leu Arg Met Glu Gly

1

5

10

15

Ala Val Asn Gly His Lys Phe Val Ile Thr Gly Lys Gly Ser Gly Gln

20

25

30

Pro Phe Glu Gly Ile Gln Asn Val Asp Leu Thr Val Ile Glu Gly Gly

35

40

45

Pro Leu Pro Phe Ala Phe Asp Ile Leu Thr Thr Ala Phe His Tyr Gly

50

55

60

Asn Arg Val Phe Val Glu Tyr Pro Glu Glu Ile Val Asp Tyr Phe Lys

65

70

75

80

Gln Ser Phe Pro Glu Gly Tyr Ser Trp Glu Arg Ser Met Ser Tyr Glu

85

90

95

Asp Gly Gly Ile Cys Leu Ala Thr Asn Asn Ile Thr Met Lys Lys Asp

100

105

110

Gly Ser Asn Cys Phe Val Asn Glu Ile Arg Phe Asp Gly Val Asn Phe

115

120

125

Pro Ala Asn Gly Pro Val Met Gln Arg Lys Thr Val Lys Trp Glu Pro

130

135

140

Ser Thr Glu Lys Met Tyr Val Arg Asp Gly Val Leu Lys Gly Asp Val

145

150

155

160

Asn Met Ala Leu Leu Leu Gln Gly Gly Gly His Tyr Arg Cys Asp Phe

165

170

175

Arg Thr Thr Tyr Lys Ala Lys Lys Val Val Gln Leu Pro Asp Tyr His

180

185

190

Phe Val Asp His Gln Met Glu Ile Thr Ser His Asp Lys Asp Tyr Asn

195

200

205

Lys Val Lys Leu Tyr Glu His Ala Lys Ala His Ser Gly Leu Pro Arg

210

215

220

Leu Ala Lys

225

&lt;210&gt; 19

&lt;211&gt; 684

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; favia favius

&lt;400&gt; 19

atg agt gtg att aca tca gaa atg aag atc gag ctg cgt atg gaa ggc 48

Met Ser Val Ile Thr Ser Glu Met Lys Ile Glu Leu Arg Met Glu Gly

1 5 10 15  
gct gta aac ggg cac aag ttc gtg att aca ggg aaa gga agt ggc cag 96  
Ala Val Asn Gly His Lys Phe Val Ile Thr Gly Lys Gly Ser Gly Gln  
20 25 30  
cct ttc gag gga ata cag aat gtg gac ctg aca gtc ata gag ggc gga 144  
Pro Phe Glu Gly Ile Gln Asn Val Asp Leu Thr Val Ile Glu Gly Gly  
35 40 45  
cct ctt cct ttt gct ttc gat atc ctg aca aca gca ttc cat tac ggc 192  
Pro Leu Pro Phe Ala Phe Asp Ile Leu Thr Thr Ala Phe His Tyr Gly  
50 55 60  
aac cgg gta ttt gtc gaa tac cca gaa gaa ata gta gac tac ttc aag 240  
Asn Arg Val Phe Val Glu Tyr Pro Glu Glu Ile Val Asp Tyr Phe Lys  
65 70 75 80  
cag tcg ttt cct gag ggt tat tct tgg gaa cga agc atg agt tac gaa 288  
Gln Ser Phe Pro Glu Gly Tyr Ser Trp Glu Arg Ser Met Ser Tyr Glu  
85 90 95  
gac ggg gga att tgc ctc gcc aca aac aat ata acg atg aag aaa gac 336  
Asp Gly Gly Ile Cys Leu Ala Thr Asn Asn Ile Thr Met Lys Lys Asp  
100 105 110  
ggc agc aac tgt ttt gtc aat gaa att cga ttt gat ggt gtg aac ttt 384  
Gly Ser Asn Cys Phe Val Asn Glu Ile Arg Phe Asp Gly Val Asn Phe  
115 120 125  
cct gcc aat ggt cca gtt atg cag agg aag acc gtc aaa tgg gag cca 432  
Pro Ala Asn Gly Pro Val Met Gln Arg Lys Thr Val Lys Trp Glu Pro  
130 135 140  
tcc act gag aaa atg tat gtg cgt gat gga gtg ctg aag ggt gat gta 480  
Ser Thr Glu Lys Met Tyr Val Arg Asp Gly Val Leu Lys Gly Asp Val

145                      150                      155                      160  
aac atg gct ctg ttg ctt caa gga ggt ggc cat tac cga tgt gac ttc 528  
Asn Met Ala Leu Leu Leu Gln Gly Gly Gly His Tyr Arg Cys Asp Phe  
                         165                      170                      175  
aga act act tac aaa gca aag aag gtt gtc cag ttg cca gac tat cac 576  
Arg Thr Thr Tyr Lys Ala Lys Lys Val Val Gln Leu Pro Asp Tyr His  
                         180                      185                      190  
ttc gtg gat cat caa atg gag ata aca agc cat gac aag gat tac aac 624  
Phe Val Asp His Gln Met Glu Ile Thr Ser His Asp Lys Asp Tyr Asn  
                         195                      200                      205  
aag gtt aag ctg tat gag cat gct aaa gct cat tcc ggg ctg cca agg 672  
Lys Val Lys Leu Tyr Glu His Ala Lys Ala His Ser Gly Leu Pro Arg  
                         210                      215                      220  
ctg gcc aag taa    684  
Leu Ala Lys  
225  
<210> 20  
<211> 227  
<212> PRT  
<213> favia favius  
<400> 20  
Met Ser Val Ile Thr Ser Glu Met Lys Met Glu Leu Arg Met Glu Gly  
1                      5                      10                      15  
Ala Val Asn Gly His Lys Phe Val Ile Thr Gly Lys Gly Ser Gly Gln  
                         20                      25                      30  
Pro Phe Glu Gly Ile Gln Asn Met Asp Leu Thr Val Ile Glu Gly Gly  
                         35                      40                      45

Pro Leu Pro Phe Ala Phe Asp Ile Leu Thr Thr Ala Phe Gly His Gly

50

55

60

Asn Arg Val Phe Val Lys Tyr Pro Glu Glu Ile Val Asp Tyr Phe Lys

65

70

75

80

Gln Ser Phe Pro Glu Gly Tyr Ser Trp Glu Arg Ser Met Xaa Tyr Glu

85

90

95

Asp Gly Gly Ile Cys Leu Ala Thr Asn Asn Ile Thr Met Lys Lys Asp

100

105

110

Gly Ser Asn Cys Phe Val Tyr Glu Ile Arg Phe Asp Gly Val Asn Phe

115

120

125

Pro Ala Asn Gly Pro Val Met Gln Arg Lys Thr Val Lys Trp Glu Pro

130

135

140

Ser Thr Glu Lys Met Tyr Val Arg Asp Gly Val Leu Lys Gly Asp Val

145

150

155

160

Asn Met Ala Leu Leu Leu Gln Gly Gly Gly His Tyr Arg Cys Asp Phe

165

170

175

Arg Thr Thr Tyr Lys Ala Lys Lys Val Val Gln Leu Pro Asp Tyr His

180

185

190

Phe Val Asp Leu Arg Thr Glu Ile Thr Ser His Asp Lys Asp Tyr Asn

195

200

205

Lys Val Lys Leu Tyr Glu His Ala Lys Ala His Ser Gly Leu Pro Arg

210

215

220

Leu Ala Lys

225

&lt;210&gt; 21

&lt;211&gt; 684

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; favia favius

&lt;400&gt; 21

atg agt gtg att aca tca gaa atg aag atg gag ctg cgt atg gaa ggc 48  
Met Ser Val Ile Thr Ser Glu Met Lys Met Glu Leu Arg Met Glu Gly  
1 5 10 15  
gct gta aac ggg cac aag ttc gtg att aca ggg aaa gga agt ggc cag 96  
Ala Val Asn Gly His Lys Phe Val Ile Thr Gly Lys Gly Ser Gly Gln  
20 25 30  
cct ttc gag gga ata cag aat atg gac ctg aca gtc ata gag ggc gga 144  
Pro Phe Glu Gly Ile Gln Asn Met Asp Leu Thr Val Ile Glu Gly Gly  
35 40 45  
cct ctt cct ttt gct ttc gat atc ctg aca aca gca ttc ggt cac ggc 192  
Pro Leu Pro Phe Ala Phe Asp Ile Leu Thr Thr Ala Phe Gly His Gly  
50 55 60  
aac cgg gta ttt gtc aaa tac cca gaa gaa ata gta gac tac ttc aag 240  
Asn Arg Val Phe Val Lys Tyr Pro Glu Glu Ile Val Asp Tyr Phe Lys  
65 70 75 80  
cag tcg ttt cct gag ggt tat tct tgg gaa cga agc atg agt tac gaa 288  
Gln Ser Phe Pro Glu Gly Tyr Ser Trp Glu Arg Ser Met Xaa Tyr Glu  
85 90 95  
gac ggg gga att tgc ctc gcc aca aac aat ata acg atg aag aaa gac 336  
Asp Gly Gly Ile Cys Leu Ala Thr Asn Asn Ile Thr Met Lys Lys Asp  
100 105 110  
ggc agc aac tgt ttt gtc tat gaa att cga ttt gat ggt gtg aac ttt 384  
Gly Ser Asn Cys Phe Val Tyr Glu Ile Arg Phe Asp Gly Val Asn Phe  
115 120 125  
cct gcc aat ggt cca gtt atg cag agg aag acc gtc aaa tgg gag cca 432

Pro Ala Asn Gly Pro Val Met Gln Arg Lys Thr Val Lys Trp Glu Pro

130

135

140

tcc act gag aaa atg tat gtg cgt gat gga gtg ctg aag ggt gat gtt 480

Ser Thr Glu Lys Met Tyr Val Arg Asp Gly Val Leu Lys Gly Asp Val

145

150

155

160

aac atg gct ctg ttg ctt caa gga ggt ggc cat tac cga tgt gac ttc 528

Asn Met Ala Leu Leu Leu Gln Gly Gly Gly His Tyr Arg Cys Asp Phe

165

170

175

aga act act tac aaa gca aag aag gtt gtc cag ttg cca gac tat cac 576

Arg Thr Thr Tyr Lys Ala Lys Lys Val Val Gln Leu Pro Asp Tyr His

180

185

190

ttc gtg gat ctt cga act gag ata aca agc cat gac aag gat tac aac 624

Phe Val Asp Leu Arg Thr Glu Ile Thr Ser His Asp Lys Asp Tyr Asn

195

200

205

aag gtt aag ctg tat gag cat gct aaa gct cat tcc ggg ctg cca agg 672

Lys Val Lys Leu Tyr Glu His Ala Lys Ala His Ser Gly Leu Pro Arg

210

215

220

ctg gcc aag taa

684

Leu Ala Lys

225

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/008790

## A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl<sup>7</sup> C12N15/09, C12N1/21, C12N5/10, C07K14/435, C07K19/00, C12Q1/02,  
G01N33/50, G01N33/533

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl<sup>7</sup> C12N15/09, C12N1/21, C12N5/10, C07K14/435, C07K19/00, C12Q1/02,  
G01N33/50, G01N33/533

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

SwissProt/PIR/Geneseq, WPI (DIALOG), BIOSIS (DIALOG)

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 03/042401 A2 (Clontech Laboratories Inc.), 22 May, 2003 (22.05.03), (Family: none)	1-22
X	WO 03/033693 A1 (The Institute of Physical and Chemical Research), 24 April, 2003 (24.04.03), (Family: none)	1-22
A	WO 02/42323 A2 (Devgen NV), 30 May, 2002 (30.05.02), & AU 200229561 A	1-22

☐ Further documents are listed in the continuation of Box C.

☐ See patent family annex.

## \* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search  
14 July, 2004 (14.07.04)

Date of mailing of the international search report  
03 August, 2004 (03.08.04)

Name and mailing address of the ISA/  
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

## A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. C17 C12N15/09、C12N1/21、C12N5/10、C07K14/435、C07K19/00、C12Q1/02、G01N33/50、G01N33/533

## B. 調査を行った分野

## 調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. C17 C12N15/09、C12N1/21、C12N5/10、C07K14/435、C07K19/00、C12Q1/02、G01N33/50、G01N33/533

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

## 国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

SwissProt/PIR/Geneseq、  
WPI (DIALOG)、BIOSIS (DIALOG)

## C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X	WO 03/042401 A2 (Clontech Laboratories Inc) 2003.05.22 (ファミリーなし)	1-22
X	WO 03/033693 A1 (理化学研究所) 2003.04.24 (ファミリーなし)	1-22
A	WO 02/42323 A2 (Devgen NV) 2002.05.30 & AU 200229561 A	1-22

☐ C欄の続きにも文献が列挙されている。☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

## \* 引用文献のカテゴリー

- 「A」 特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの  
「E」 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの  
「L」 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)  
「O」 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献  
「P」 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

- 「T」 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの  
「X」 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの  
「Y」 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの  
「&」 同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

14.07.2004

国際調査報告の発送日

03.8.2004

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/J P)

郵便番号 100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官 (権限のある職員)

田村 明 照

4N

8412

電話番号 03-3581-1101 内線 3448

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning  
Operations and is not part of the Official Record**

**BEST AVAILABLE IMAGES**

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☒ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☐ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☐ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☐ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☐ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:** \_\_\_\_\_

**IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.**

**As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.**